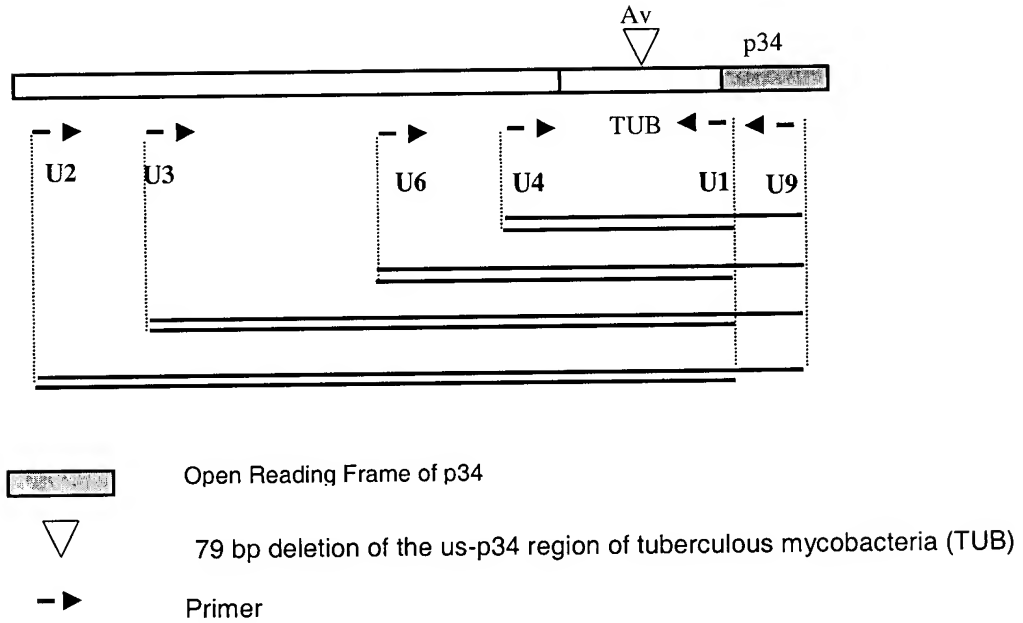


Figure 1.

2047200



Figure 2. Amplifications of us-p34 regions with primers U1, U2, U3, U4, U6 and U9.



### Figure 3. New us-p34 sequences (5' to 3')

Primers used to obtain the sequence (either U2-U1 ; U3-U1 ; U4-U1 ; U2-U9 ; U3-U9 or U4-U9) and the amplicon size are as indicated. Sequence variations (point mutations) found in the same species (for instances *M. ulcerans*) are also indicated when known.

#### *M. intracellulare* U4-U1 Length: 216 (SEQ ID NO 57)

```

1  GTTCTACCTG TGCTGAGCAA GCTCCGGTGA TACCGACCGT CTCGCCGGAG
51  GGCCGCCGGG GGCCTCGCCG CCCAAGACAG TGGCGGCGCC ACCGGTTCCC
101 GCACGTGCGC TAGCGTGGGT GATCGACCGC GTCGCAATGC GGTGACGCGC
151 CTGCAAGCAC AGCGTCGCAT CGCCACCGCG GCGCCCGCTC GGCACTTAAA
201 GGCACTGGTA GCAACA

```

#### *M. avium* U2-U9 Length: 881 (SEQ ID NO 58)

Underlined, the mutated nucleotide which allows to differentiate *M. avium* from *M. paratuberculosis*.

```

1  TCGTAGCTGG CTTCTCGTC GGTCCACAGC GCCCGCATCG CTTCCAGGTA
51  TTCGCGCAGC ATGGTGCGGC GCCGGCCCGC CGGCACGCCG TGGTCGGCGA
101 GTTCGTCGGT GTTCCAGCCG AACCCGACGC CGAGGCTGAC CCGGCCGCCG
151 GACAGATGGT CAAGGGTGGC AATACTTTTC GCCAGCGTGA TCGGGTCTGT
201 TTCGACCGGC AGGGCCACCG CGGTGGACAG CCGCACCCGC GAGGTGACGG
251 CACAGGCCGC GCCCAGACTG ACCCACGGGT CCAGGGTGCG CATGTAGCGG
301 TCGTCGGGCA GCGACGCGTC GCCGGTGGTC GGGTGCGCGG CCTCCCGCTT
351 GATCGGGATA TCGGTGTGTT CCGGCACGTA GAAGGTCGCA AACCCGTGGT
401 CGTCGGCAAG CTTGCGGGCC GCAGCCGAG AGATGCCACG GTCGCTGGTG
451 AAAAGCACAA GCCCGTAATC CATGCAGTGA ATTAGAACGT GTTCTACCTC
501 TCGGGGGCAA GCTGTCGTGA TACGGACCGT CTCGCCGCGC GGTGCTCTCC
551 GAAGCCCGCG GGCAAGCCAA TGGCGACGGC ACCGGCCGTC GCACGTGCGC
601 TAGCGTGGGT GATCGACCGT GTCGCTCGCG CAGTGACGCG CCTGCAAGCA
651 CCGCGTCGCA TCGCAACCGT GGCGCCCGCT CGGCACTAAA AGGCAGTGGA
701 AGCAACAGGA GGAGCCATGA CCTACTCTCC CGGCAGCCCC GGATATCCAC
751 CGGCGCAGTC TGGCGGCACC TATGCAGGCG CCACACCATC TTTCGCCAAA
801 GACGACGACG GCAAGAGCAA ACTCCCGCTC TACCTCAACA TCGCCGTGGT
851 CGCCCTGGGT TTCGCGGCCT ACCTGCTGAA T

```

#### *M. gastri* U3-U1 Length: 642 (SEQ ID NO 59)

2024-04-04 14:40:46

1 GTGCGCCGGC GCGCCGGCGG CACGCCATGG TCGGCGAGTT CGTGC GCCCG  
51 GCGGCACGCC ATGGTCGGCG AGTTCGTCGG TGTTCAGCC GAATCCGACG

Figure 3-continued

101 CCGACGCTGA CCCGGCCCCC GGATAGTGGT CCAGCGTGGC AATGCTTTTG  
151 GCCAGCGTGA TCGGGTCATG CTCCACCGCA GCGCAACCGC GGTGACAGC  
201 CTGACTCGGG AGGTGACCGC TGAAGCCGCA CCCAAGCTCA CCCACGGGTC  
251 CAGGGTGCGC ATATAGCGGT CGTCCGGCAG CGACGCGTCA CCCGTCGTGG  
301 GATGGGCGGC TTCCCGTTTG ACCGGGATAT GCGTGTGTTC GGGCACGTAG  
351 AGAGTGCGAA AGCCATGGTC GTCGGCCAGT TTCGCGGCTG CCGCCGGGGA  
401 GATCCACCGG TCGCTGGTGA AAAGGACAAG CCCGTAATCC ATGAACAGAA  
451 TTAGAACGTG TTCTACCTCC GCCGGGCAAG CGGCTCATCT GCCGATCGGC  
501 AGCGGTGCCG GGGCCGGTAT CGCGGGCGGC AAGGTCGCCA CGGCGTGAGT  
551 ACCCGGCCGT GCGCTAGCGT GGGTCATCGA ATTGTGTCGC AGGGAGCAAT  
601 CGTCGCATTG CAGCAGGCGT AGCGACGGCA CCGGAGGTAA CA

*M. gordonae* U3-U9 Length: 745 (SEQ ID NO 60)

1 GTGCGACGAC GGCCGGCCAG CACGTTATGG TCGGCGAGCT CGTCGGTGT  
51 CCAGCCGAAC CCGACGCCGA GGCTAACTCG CCCGCCGGAC AGGTGATCCA  
101 GCGTGCGGAT GCTTTTCGCC AAGGTGATCG GGTGATGCTC GACCGGCAAC  
151 GCGACTGCCG TCGACAGCCG CACCCGCGAC GTCACAGCAC ACGCCGCGCC  
201 CAGGCTCACC CAGGGATCCA GGGTGCGCAT ATAACGGTCG TCGGGCAGCG  
251 TCTCGTCTCC GGTGGTGGGA TGAGCCGCCT CGCGTTTGAT CGGGATATGC  
301 GTGTGTTCGG GTACGTAGAA GGTGTGAAAA CCATGTGTGT CGGCAAGTTT  
351 CGTGCTGCC GCAGGGGAAA TACCGCGATC GCTGGTGAAC AGAACGAGGC  
401 TGTAATCCAT GCGCCCAATT AGAACGTGTT CTACTTTTGG CCGCAGCCGA  
451 CCGCTGCGG CGACGGGCAC TAGTTGTCAG AGGTGCGCTA GCGTGGTTGA  
501 TCGAATGCGT CGCAGGCCGT ACCGCGTCGT GCCGAAGCAG AGGGGCCGTG  
551 ACGGCACCGG AAGCAACAGG AGGACTTATG ACCTACCCGC CCGGTAGTCC  
601 CGGATATCCA TCCGCCAGC AGTCGGCCGG CAACTACGGC AGCTCCGCTC  
651 CCGCCGCCGG CCAGTCCGAG CCGGGTGAAA GCAAGCTGGG ACTGTACCTG  
701 GCCATCGCGG TGGCGGCCCT GGGCCTACTG GCGTACCTCT TCAGC

*M. kansasii* U3-U9 Length: 785 (SEQ ID NO 61)

1 GTGCGCCGGC GCGCCGGCGG CACGCCATGG TCAGCGAGTT CGTCGGTGT  
51 CCAGCCGAAT CCGACGCCGA CGTGACCCG CCGCCGGAT AGGTGGTCCA

101 GCGTGGCAAT GCTTTTGGCC AGCGTGATCG GGTCATGCTC GACCGGCAAC  
 151 GCAACCGCTG TTGACAGTCG GACCCGGAAG GTGACCGCTG AAGCCGCGCC  
 201 CAAACTCACC CACGGGTCCA GCGTGCGCAT ATAGCGGTCG TCCGGCAGCG  
 251 ACGCGTCACC CGTCGTGGGA TGGCGGCCTC CCGTTTGACC GGGATGTGCG  
 301 TGTGTTTCGGG CACGTAGAAA GTGCGAAAGC CATGGTCGTC GGCCAGTTTC  
 351 GCGGCTGCCG CGGGAGAAAT GCCACGGTCG CTGGTGAAAA GGACAAGCCC

**Figure 3-continued**

401 GTAATCCATG AACAGAATTA GAACGTGTTC TACCTCAGCC GGGCAAGCGG  
 451 CTCATCCGCC GATCGTCGGC AGTGGTGACG GGGCCGGTAT CACGGGGGCA  
 501 AGGTCGCCAC GGC CGAGTA CCAGGCCGTG CGCTAGCGTG GGTATCGAA  
 551 TCGTGTCGCA GGGAGCAATC GTCGCATTGC AGCAGGCGTA GCGACGGCAC  
 601 TGGAGGTAAC AGGAGGAGCC ATGACCTACT CACCAGGTAG TCCCGGATAT  
 651 CCGCCCGCGC AATCGGCCGG CTCCTACGGA GCCGCCACAC CGTCTTTCGC  
 701 CAAGGCCGAC GACGGTGTC AAGCTTCC GATGTACCTG AGCATGGCGG  
 751 TTGCCGCGCT CGGGCTGCTG GCGTATCTGG CCAGC

*M. malmoense* U2-U1 Length: 741 (SEQ ID NO 62)

1 TCGTAGGCCG CTTCTCCTG GGTCCACAGC GCCCGCATTG CCTCGATGTA  
 51 TTCACGCAGC ATGGTGCGAC GGC GCCCGG CGGCACGCCG TGGTCGGCGA  
 101 GCTCGTCGGT GTTCCAGCCA AACCCAACGC CGAGGCTGAC CCGGCCGCCG  
 151 GACAGGTGGT CCAAGGTGGC AATACTTTTC GCCAGCGTGA TCGGGTCGTG  
 201 CTCGACGGGC AGCGCCACCG CGGTAGACAG CCGCACCCGC GACGTCACGG  
 251 CGCACGCCGC GCCCAGGCTC ACCCACGGGT CTAGCGTGCG CATATAGCGG  
 301 TCGTCCGGCA AGCGACGCGC CACCCGTCGT CGGATGGGCC GCCTCGCGCT  
 351 TGACCGGGAT ATGGGTGTGT TCCGGCACGT AGAACGTCTG GAAGCCGTGG  
 401 TCGTCGGCAA GTTTGGCGGC TGCCGCCGGG GAGATGCCGC GGTGCGTGGT  
 451 GAAAAGTACA AGCCCGTAAT CCATGGACAG AATTAGAACG TGTCTACCG  
 501 GCGGTGGGCA AGCCGCTGCG CCGCCGAGGA TCTCGACTCG GACCCACAAC  
 551 ACTGGTCGGC GCCGGGCGCG CCGACAGGTC GGTGCGGCCG GCACGGGCGG  
 601 CCGAACGTGC GCTAGCGTGG GTGATCGATC GCGTCGCAAC GCAAGATCTC  
 701 ATGCGGCGTC GCTGAGGGTC TTGAAGGCAC TGAAGCAAT A

*M. simiae* U2-U1 Length: 748 (SEQ ID NO 63)

1 TCGTATTGGG CTTCTTCTG CGTCCACAGC GCCCGCATGG CTTCCAGGTA  
 51 CTCGCGCAGC ATGGTCCGCC GGC GCCCGG CGGCACGTTG TGGTCGGCCA

101 GTTCGTCGGT GTTCCAACCG AACCCGACGC CCACACTGAC CCGTCCGCCG  
 151 GACAGATGGT CCAGGGTGGC GATGCTTTTC GCCAGCGTGA TCGGGTCGTG  
 201 CTCGACGGGC AGCGCGACCG CGGTGGACAG TCGCACCCGC GAGGTGACCG  
 251 CGCACGCCGC GCCCAGACTG ACCCACGGGT CCAGCGTGCG CATGTAGCGG  
 301 TCGTCGGGCA GCGATTCTGT GCCCGTCGTG GGATGGGCGG CCTCGCGCTT  
 351 GATCGGGATG TGAGTGTGTT CTGGCACGTA GAACGTTGTG AAGCCATGGT  
 401 CGTCGGCGAG TTTGGCCGCG GCCGCCGGG CGATGCCCCG ATCACTGGTG  
 451 AAAAGCACGA GCCCGTAATC CATGCACAGA ATTAGAACGT GTTCTACCTC  
 501 TGTGGAGCAA GCGGCCCCCG CTACGTCGAC CCGCAGACGG GCCGCTGAGA

### Figure 3-continued

551 CGATCGCTCC TGGTCGCGCC TAGGGGCCGG TCGCTCCCGC GCACCCGCTC  
 601 GAACGTGCGC TAGCGTGTT GATCGGTCGC GCGTAACGCA AACGCGGGCA  
 701 AGCAGTGACG TCGCGCCCGA CGAGGTCTTG AAGGCACTGG AAGCAACA

### *M. szulgai* U3-U9 Length: 712 (SEQ ID NO 64)

1 GTGCGGCGGC GCCCGGCCGG GACGCCGTGA TCAGCGAGCT CGTCGGTATT  
 51 CCAGCCGAAG CCGACGCCGA GGCTGACCCG GCTGCCGGAC AGATGATCCA  
 101 GCGTGGAAT GCTTTTGGCC AGCGTGATCG GATCATGCTC GACCGGCAGC  
 151 GCCACCGCGG TGGACAACCG GACCCGAGAC GTCACCGCGG CCGCAGCACC  
 201 CAAACTCACC CACGGGTCCA GCGTGCGCAT GTAGCGGTCA TCGGGCAGCG  
 251 ACGCGTCACT CGTAGTGGGA TGGGCAGCCT CCCGCTTGAT CGGGATGTGG  
 301 GTGTGTTTCA GCACGTAGAA CGTCTGAAAA CCGTGGTTCGT CGGCCAGCTT  
 351 TGCGGCCGCC GCCGGGGCAA TGCCGCGATC GCTGGTGAAA AGTACAAGCC  
 401 CGTAATCCAT GCACCGAATT AGAACGTGTT CTACCTGCGA TGAGCAAGCG  
 451 GCCCGGTCGG CCGACGAGCA GGTGCGCCCG GCGCGACCAG CAGAACGTGC  
 501 GCTAGCGTGG TTGATCGAGT CGCGCACCGG AAAGCAACCG GAAGTAATCA  
 551 GGAGGAGCCA TGACCTACTC GACCGGCAGC CCCGGATATC CGCCTGCGCA  
 601 GCAGCCCGGG GGGTCGTACG GCGGCGCCAC TCCTGGTGAC GCTCAGAGCA  
 651 AGCTTCCGCT GTACCTCAGC ATGGCGGTGG CCGCCCTCGG CCTGGCCGCG  
 701 TATCTCGCCA GC

### *M. tuberculosis* U2-U9 Length: 802 (SEQ ID NO 65)

1 TCATAGCAGG CCTCCTCTTG GGTCCACAAC GCCCGCATCG CCTCGAGGTA  
 51 TTCGCGCAGC ATGGTGCGGC GGCGTCCGGG TGGCACACCA TGATCGACGA  
 101 GCTCGTCGGT GTTCCAGCCG AACCCGACCC CGACGCTGAC CCGGCCGTGC  
 151 GACAAATGAT CCAGCGTCGC AATGCTTTTC GCCAGCGTGA TCGGATCATG  
 201 CTCGACCGGC AGCGCCACCG CGGTGGCAAG CCGGATCCGC GACGTCACCG

```

251 CCGATGCTGC TCCCAGGCTC ACCCACGGGT CCAACGTGCG CATATAGCGG
301 TCGTCCGGCA GCGAAGCGTC ACCCGTCGTC GGATGGGCCG CCTGGCGCTT
351 GACCGGGATG TGGGTGTGTT CGGGCACGTA AAACGTGCGA AACCCGTGGC
401 TTTCAGCAAG TCTGGCGGCC GCGGCCGGGG TGATGCCGCG GTCGCTGGTG
451 AACAGCACAA GTCCGTAGTG CATGCACCGA ATTAGAACGT GTTCCACCTG
501 CGCCGGGCAA GCGGCCGTCC AGTCGTTAAT GTCGCGAGCG CCGGTCGCTC
551 CGGCAGCGGC ACCCGAACGT GCGCTAGCGT GGTTGATCGA ATCGCGTCGC
601 CGGGAGCACA GCGTCGCACT GCACCACTGG AGGAGCCATG ACCTACTCGC
651 CGGGTAACCC CGGATACCCG CAAGCGCAGC CCGCAGGCTC CTACGGAGGC
701 GTCACACCCT CGTTCGCCCA CGCCGATGAG GGTGCGAGCA AGCTACCGAT
751 GTACCTGAAC ATCGCGGTGG CAGTGCTCGG CCTGGCTGCG TACTTCGCCA
801 GC

```

### Figure 3-continued

*M. bovis* U2-U1 Length: 628 (SEQ ID NO 66)

In this sequence, there is a mutation (as underlined) compared with the sequence of *M. tuberculosis*.

```

1 TCATAGCAGG CCTCCTCTTG GGTCCACAAC GCCC GCATCG CCTCGAGGTA
51 TTCGCGCAGC ATGGTGCGGC GCGTCCGGG TGGCACACCA TGATCGACGA
101 GCTCGTCGGT GTTCCAGCCG AACCCGACCC CGACGCTGAC CCGGCCGTGC
151 GACAAATGAT CCAGCGTCGC AATGCTTTTC GCCAGCGTGA TCGGATCATG
201 CTCGACCGGC AGCGCCACCG CGGTGGCAAG CCGGATCCGC GACGTCACCG
251 CCGATGCTGC TCCCAGGCTC ACCCACGGGT CCAACGTGCG CATATAGCGG
301 TCGTCCGGCA GCGAAGCGTC ACCCGCGTC GGATGGGCCG CCTGGCGCTT
351 GACCGGGATG TGGGTGTGTT CGGGCACGTA AAACGTGCGA AACCCGTGGC
401 TTTCAGCAAG TCTGGCGGCC GCGGCCGGGG TGATGCCGCG GTCGCTGGTG
451 AACAGCACAA GTCCGTAGTG CATGCACCGA ATTAGAACGT GTTCCACCTG
501 CGCCGGGCAA GCGGCCGTCC AGTCGTTAAT GTCGCGAGCG CCGGTCGCTC
551 CGGCAGCGGC ACCCGAACGT GCGCTAGCGT GGTTGATCGA ATCGCGTCGC
601 CGGGAGCACA GCGTCGCACT GCACCACT

```

*M. xenopi* U4-U9 Length: 400 (SEQ ID NO 67)

```

1 GTTACCCAC CGCGAGCAAG CGGCGCCGGT AGAAGCTGCG ATGACACGCC
51 AGTCGCCGCG AGACCCCGC CGCCAGGTGC GCTAGCGTGG ATGGTCGAAT
101 CGCGTCGCAA CGCCTGCCCT GACAAGTCAC GGCGTTAATG GAGCGGTCCA
151 CGCAGCGTCG CGCGGAAGCG GCGCCCTGGG GATACAGCGT CGCAACACAG

```

10074246-021402

```

201  TGGCGCCCCA  ACGGCACTGA  TGCACAGGAG  AAGCCATGAC  GTACTCGCCC
251  GGTAGCCCCG  GATATCCACC  CGCGCAGTCC  CCCGGTTCCT  ACGGCGGCTC
301  CCCACAGTCG  TTCGCCAAAT  CCGATGACGG  CGCCAGCAAG  CTGCAGCTGT
351  ATCTGACCGT  CGCGGTGGTG  GCGCTCGGCC  TGGCGGCCTA  CCTGGCGAGT

```

*M. paratuberculosis* U2-U1 Length: 707 (SEQ ID NO 68)

Underlined, the mutated nucleotidic base which allows to differentiate *M. Avium* from *M. Paratuberculosis*.

```

1   TCGTAGCTGG  CTTCTCTGTC  GGTCCACAGC  GCGCGCATCG  CTTCAGGTA
51  TTCGCGCAGC  ATGGTGCGGC  GCCGGCCCGC  CGGCACGCCG  TGGTCGGCGA
101 GTTCGTCGGT  GTTCCAGCCG  AACCCGACGC  CGAGGCTGAC  CCGGCCCGCG
151 GACAGATGGT  CAAGGGTGGC  AATACTTTTC  GCCAGCGTGA  TCGGGTCGTG

```

### Figure 3-continued

```

201  TTCGACCGGC  AGGGCCACCG  CGGTGGACAG  CCGCACCCGC  GAGGTGACGG
251  CACAGGCCCG  GCCGAGACTG  ACCCAGGGGT  CCAGGGTGCG  CATGTAGCGG
301  TCGTCGGGCA  GCGACGCGTC  GCCGGTGGTC  GGGTGCGCGG  CCTCCCCTT
351  GATCGGGATA  TCGTGTGTGT  CCGGCACGTA  GAAGGTCGCA  AACCCGTGGT
401  CGTCGGCAAG  CTTGCGGGCC  GCAGCCGGAG  AGATGCCACG  GTCGCTGGTG
451  AAAAGCACAA  GCCCGTAATC  CATGCAGTGA  ATTAGAACGT  GTTCTACCTC
501  TCGGGGGCAA  GCTGTCGTGA  TACGGACCGT  CTCGCCCGCG  GGTGCTCTGC
551  GAAGCCCGCG  GGCAAGCCAA  TGGCGACGGC  ACCGGCCGTC  GCACGTGCGC
601  TAGCGTGGGT  GATCGACCGT  GTCGCTCGCG  CAGTGACGCG  CCTGCAAGCA
651  CCGCGTCGCA  TCGCAACCGT  GCGCCCCGCT  CGGCACTAAA  AGGCAGTGGA
701  AGCAACA

```

*M. marinum* U2-U1 Length: 686 (SEQ ID NO 69)

This sequence is based on the sequence analysis of 6 different strains

```

1   TCGTAGGCGG  CTTCTCTCTG  CGTCCACAGT  CGCCCGCATC  GCCTCGAGGT
51  ATTCACGCAA  CATCGTGCGG  CGCCGTCCGG  GTGGAACGCC  ATGGTCGGCG
101 AGTTCGTCGG  TGTTCCAACC  GAACCCACG  CCGAGGCTGA  CCCGTCCGCC
151 GGACAGATGA  TCCAGCGTGG  CAATGCTCTT  GGCCAGGGTG  ATCGGGTCAT
201 GCTCGACGGG  CAGCGCCACC  GCAGTCGACA  GCCGTACCCG  CGAGGTCAC
251 GCCGATGCCG  CGCCCAAACT  CACCCAGGGG  TCCAGCGTGC  GCATATAACG

```

20420 : 021402



```

301 ATCGTCGGGA AGCGAGGAAT CGCCCGTCGT TGGATGAGCG GCTTCTCGCT
351 TGATTGGGAT ATGGGTGTGC TCAGGCACGT AGAAGGTGTG AAAGCCGTGG
401 TCGTCAGCGA GTCTCGCCGC CGCCGCCGGA GCGATGCCGC GGTCGCTGGT
451 GAAAAGCACA AGCCCATAGT CCATAACAGA ATTAGAACGT GTTCTACCTC
501 GGCCGGGCAA GCGCCCCCG CGCCAATCGG CTCGGCGGGA TCGACGGAGG
551 TGATGGCGCT GGTGAGCGG GGGCAGGTCG CCGCGGCGCG AGCACCGGAA
601 CGTGCGCTAG CGTGGTTGTT CGAATCGCGT CGCAGGGACC AAGCGTCGCA
651 ATGCAGCAGC GCGCCGCGA CGGCGCGCAA GTAACA

```

*M. ulcerans* U2-U1 Length: 685 (SEQ ID NO 70)

13 different strains have been sequenced.

These strains from Zaire, Mexico, Surinam, Japan, Benin, Australia, Togo show a strong identity but disclose point mutations. There is therefore a certain degree of variations within an otherwise conserved sequence.

Primers are identical to those of *M. marinum* (both strains are indeed highly similar). The bases which are underlined are mutated nucleotidic bases but the base shown here is the most frequent among the sequenced species

```

1 TCGTAGGCGG CTTCCTCCTG CGTCCACAGC GCCCGCATCG CCTCGAGGTA
51 TTCACGCAAC ATCGTGCGGC GCCGTCCGGG TGGAACGCCA TGGTCGGCGA

```

**Figure 3-continued**

```

101 GTTCGTCGGT GTTCCAACCG AACCCACGC CGAGGCTGAC CCGTCCGCCG
151 GACAGATGAT CCAGCGTGGC AATGCTCTTG GCCAGGGTGA TCGGGTCATG
201 CTCGACGGGC AGCGCCACCG CAGTCGACAG CCGTACCCGC GAGGTCACCG
251 CCGATGCCGC GCCCAAACTC ACCCAGGGGT CCAGCGTGCG CATATAACGA
301 TCGTCGGGAA GCGAGGAATC GCCCGTCGTT GGATGAGCGG CTTCTCGCTT
351 GATTGGGATA TGGGTGTGCT CAGGCACATA GAAGGTGTGA AAGCCGTGGT
401 CGTCAGCGAG TCTCGCCCCG GCGCCCGGAG CGATGCCGCG GTCGCTGGTG
451 AAAAGCACAA GCCCATAGTC CATAACAGAA TTAGAACGTG TTCTACCTCG
501 GCCGGGCAAG CGCCCCCCGC GCCAATCGGC TTGGCGGGAT CGACGGAGGT
551 GATGGCGCTG GTCGAGCGGG GGCAGGTCGC CGCGGCGCGA GCACCGGAAC
601 GTGCGCTAGC GTGGTTGTTC GAATCGCGTC GCAGGGACCA AGCGTCGCAA
651 TGCAGCAGCG GCGCCGCGAC GGCGCGCAAG TAACA

```

*M. leprae* U2-U1 Length: 729 (SEQ ID NO 71)

```

1 TCATATAACG GCTTCATTCT TGTGTCCATA ATGCCTGCAT TGCTTCGAGG
51 CATTCGTACA CCATGGTGCG GCGCCGCCCG GATGGCACAT CGTGATCGGT
101 GAGCTCGTTG GTCTTCCAAC CGAACCCGAC GCCGAAGTTC ACTCACTCGC
151 CGGACAAATT ATCCAGGTTG ACAATACTTT TCGCAAGTGT GATTGGGTCA

```

10074246-021402

201 TGTTAGACGG GCAGCGCCAC CACCATGAAC AGTCGTAGCC TGCCGATATA  
 251 ACCCGCATGT CGCGCCCAAA CTTACCCATG AGTCATAGGT ACGCATCGCA  
 301 TATAGCTGTC GTCACTGGAC AGTGATACTC ATCCGTAACC AGGTAGTGGG  
 351 GTCTGAGTGG CAATGGCATA TGGGTGTGTT CGGGCACATA GAACTTGCGG  
 401 AAGCCGTGGC TCTCCGCAAG CTTGACTGCT GCCGCGGGG TGATGCCGCG  
 451 GTCGTTGGTT AAAAGCGCAA TCCCGTAGCC CATAACCAAGA ATTTAGAGCG  
 501 TGTTCCACCT GCGACGGCCA AGCGGTCTGT CCGACGATTT CGGCGTCCAT  
 551 CGGTGGTAGG CGAGCTGACA CGCAGGTCGT GCCGGCGCGG TCGCCCTAAC  
 601 GTGCGCTAGC GTTGATGATC GAATGCGCCG CAACGTAAGC GCTGCCAATT  
 651 TGGGCGTTTA TCCAACGGTG CGCATGGGAG CACAGCGTTG CACTGCAGCA  
 701 GTGGCGCCGT GACGGCACTG GAAATAACA

*M. nonchromogenicum* U4-U1 Length: 129 (SEQ ID NO 72)

1 GTTCCTGTTC GGCGGGCAAC GGGGGGTCC TTGTCGCGCA GTGTTGACCC  
 51 ACCGACTCGG CCCGCAAGTG CGCTAGCGTG GATGGTCGAA GCGCGCCGCA  
 101 CCGCCCACCA GCGCCCTGCC ACAAGCACA

*M. scrofulaceum* U4-U1 Length: 219 (SEQ ID NO 73)

1 GTTCTACCTC CCGTGAGCAA GCTGCCGCCG CGGCGGCACG GATCGGCGTC  
 51 CAAGCCGGTC GCGACGGCAC GCCCGTCCCG AAGTGCCTA GCGTGTTGA  
 101 TCGATCGCGT CGCAACGCAA CCGCCGGGCA CGGCATTCGT GGAACGGCGC

**Figure 3-continued**

151 GCCCGCACGC ACAGCGCCGC GACGCAACTG TGGCGCCCGC AAAGGCACTT  
 201 CACGGCACTG GAAGCAACA

*M. triplex* U4-U1 Length: 116 (SEQ ID NO 74)

1 GTTCTACCTT GGTCGGCAAG CGGCGCGGGA ACGGCCCCGG CACCGGCTCC  
 51 CCGACGTGCG CTAGCGTGGT TGTTGGAATC GCGTCGCAAC GCAAGCGCGG  
 101 CGAGCCTGGA AAAACA

**M. Paratuberculosis F57 sequence**

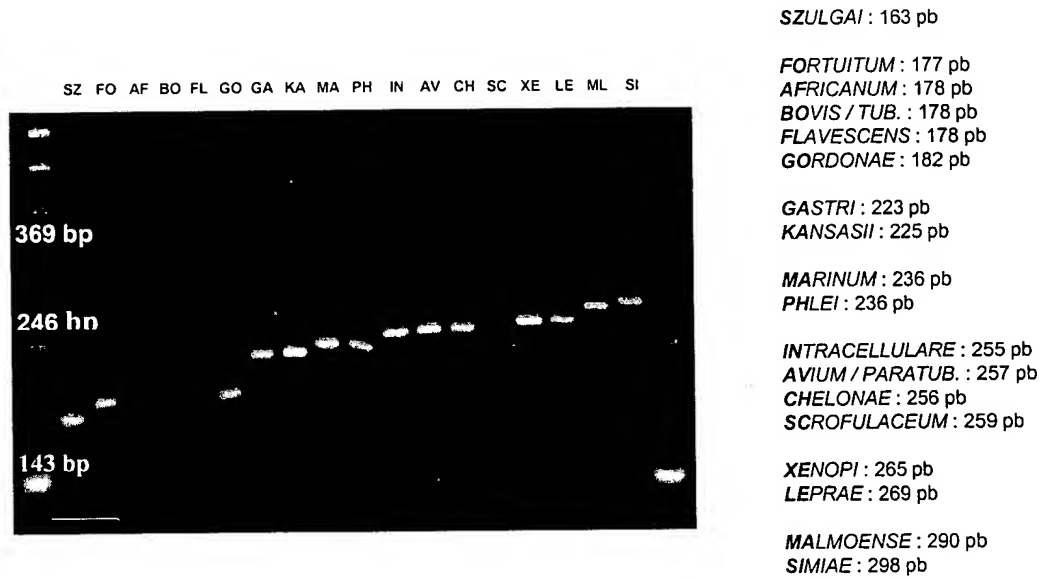
*M. paratuberculosis* F57b - MPT1 Length: 618 (SEQ ID NO 75)

1 GATCTCAGAC AGTGGCAGGT GCGGCTCCG AAGCTGGCGT CAGCTATTGG  
 51 TGTACCGAAT GTTGTGTGCA CCGAGCCGGT CCCAGGTGTG TTCGAGTTGC  
 101 AGCTGAGAAT TGTCGATCCG CTTAGTTCGC CGCTTGAATG GTCGTCTGTG

151 CCAGCCGCCC ACTCGTGGTC TCTGAGTTTG GGTATCGATG AAATGGGCGT  
201 CTACCAGTCG CTCCCGTTGG CGAACGTATC GGGCGTTGTA GTGGGAGGCG  
251 TACCAGGGTC GGGGAAAACC GCGTGGCTGA CGAGTGCTCT GGGGTCGTTC  
301 GGTGCGTCAG CGGCGGTCCA GTTCGCTGTC ATCGACGGGA AGGGTGGTCA  
351 GGACTTGGA TGCCTGCGTG CTCGTAGCTG CCGATTCATG AATGACGATC  
401 TGGAGCTGCC TGAGATTGCA GCGATTCTGA ATGACGCGAC CGGTCTAGTC  
451 CGTGATCGAA TTAGACAGGG CAACAACATA TTCGGATCGT CCAACTTTTG  
501 GGATCGCGGC CCGACGCCGC AGGTTCCGCT GGTGTTCGTG GTGATTGACG  
601 GCTATCGGGG CCGAGATC

10074246 : 021402

Figure 4. U1-U4 consensus amplification of *us-p34* regions of different mycobacterial species



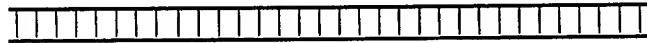
10074346:024402

Figure 5. Specific and non specific hybridization

Homologous hybridization between both 178-bp amplicons from *M. tuberculosis*

*M. tuberculosis*: 178 pb

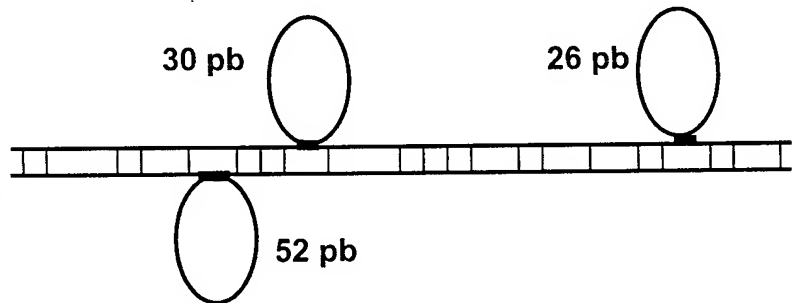
*M. tuberculosis*: 178 pb



Deletion within each of both single strands hampers hybridization between the 182-bp amplicon from *M. gordonae* and the 178-bp amplicon from *M. tuberculosis*

*M. gordonae*: 182 pb

*M. tuberculosis*: 178 pb



Schematic representation of a deletion

40074246.031402

a) Unlabeled amplified DNA segments specific for various mycobacteria species were first transferred on nylon membrane (*M. tuberculosis* (TB), *M. avium* (AV), *M. szulgai* (SZ), *M. kansasii* (KA), *M. xenopi* (XE), *M. simiae* (SI) and *M. malmoense* (ML)).

b) Digoxigenin-labeled amplicons from *M. tuberculosis* (TB\*), *M. avium* (AV\*), *M. szulgai* (SZ\*), *M. kansasii* (KA\*), *M. xenopi* (XE\*) and *M. simiae* (SI\*) were hybridized on the nylon membrane. Specific differential hybridization is obtained.

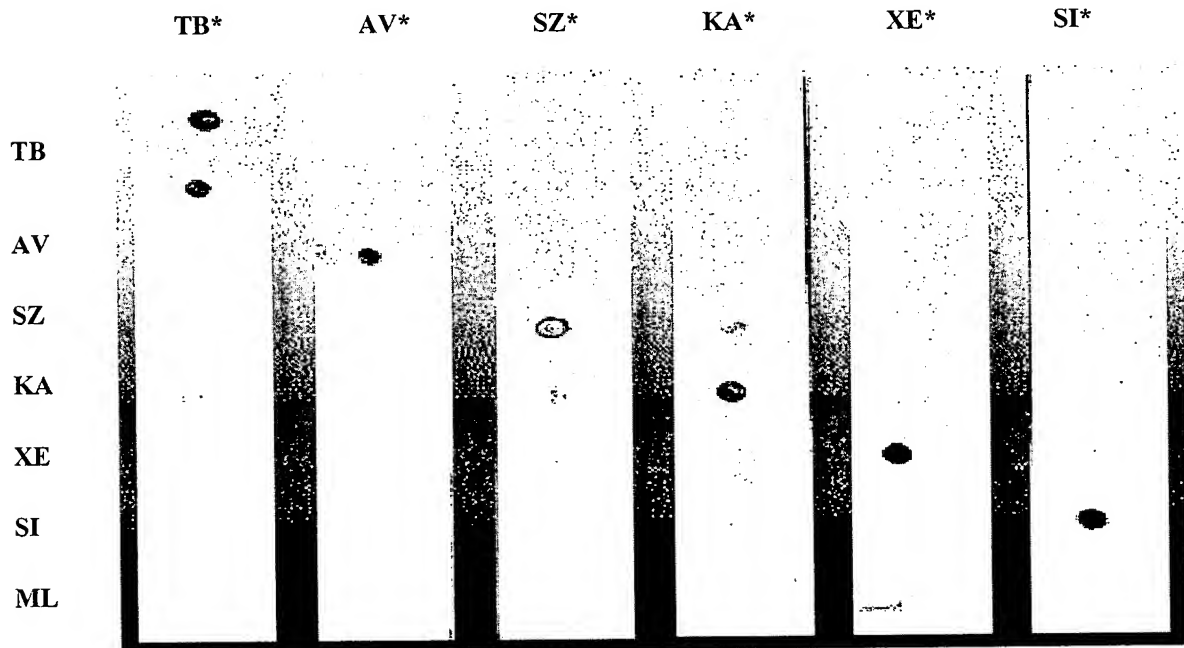
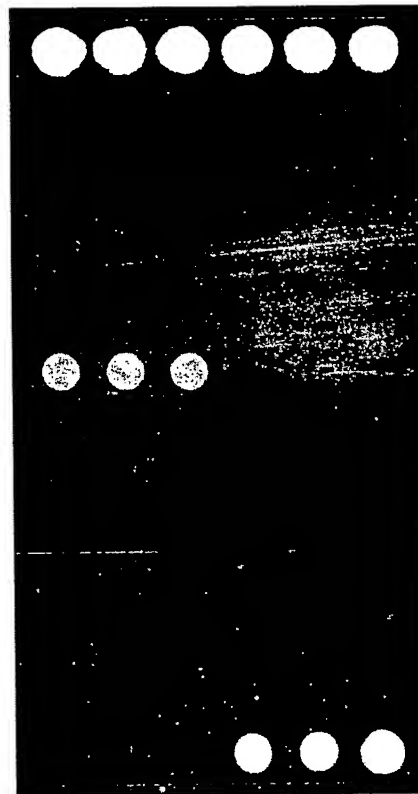


Figure 7. Example of biochips detecting specifically *M. gordonae*.

Control of fixation



Control of hybridization

100446-02446

**Figure 8.** Alignment of several Mycobacterial us-p34 sequences.

Parameters used for sequence alignment:

gap creation penalty = 5; gap extension penalty = 1

```

1                                     50
{mycAV21} tcgtag.ctg gcttcctcgt cggtccacag .cgc-cg-at c-cttccagg
{mycPT2Z} tcgtag.ctg gcttcctcgt cggtccacag .cgc-cg-at c-cttccagg
{mycML2Z} tcgtag.gcc gcttcctcct ggggccacag .cgc-cg-at t-cctcgatg
{mycSI2Z} tcgtat.tgg gcttccttcct gcgtccacag .cgc-cg-at g-cttccagg
{mycTB21} tcatag.cag gcctcctcctt ggggccaca. acgc-cg-at c-cctcgagg
{mycBO2Z} tcatag.cag gcctcctcctt ggggccaca. acgc-cg-at c-cctcgagg
{mycMA2Z} tcgtag.gcg gcttccttcct gcgtccacag tcgc-cg-at c-cctcgagg
{mycUL2Z} tcgtag.gcg gcttccttcct gcgtccacag .cgc-cg-at c-cctcgagg
{mycGA3Z} gtg..... -gc-gg c-ccccggcg
{mycKA31} gtg..... -gc-gg c-c.....
{mycGO31} gtg..... -ga-ga c-g.....
{mycSZ31} gtg..... -gg-gg c-c.....
{mycLE2Z} tcatataacg gcttcattct tgtgtccata atgc-tg-at t-cttcgagg
Consensus -----C-C--G-----

51                                     100
{mycAV21} tattcgcgca gcatggtgcg gcgccggc-c -ccg-c--gc cg--g--ggc
{mycPT2Z} tattcgcgca gcatggtgcg gcgccggc-c -ccg-c--gc cg--g--ggc
{mycML2Z} tattcacgca gcatggtgcg acggcgcc-g -ccg-c--gc cg--g--ggc
{mycSI2Z} tactcgcgca gcatggtccg ccggcgcg-c -gcg-c--gt tg--g--ggc
{mycTB21} tattcgcgca gcatggtgcg gcggcgtc-g -gtg-c--ac ca--a--gac
{mycBO2Z} tattcgcgca gcatggtgcg gcggcgtc-g -gtg-c--ac ca--a--gac
{mycMA2Z} tattcacgca acatcggtgcg gcggcgtc-g -gtg-a--gc ca--g--ggc
{mycUL2Z} tattcacgca acatcggtgcg gcggcgtc-g -gtg-a--gc ca--g--ggc
{mycGA3Z} gcacgccatg gtcggcgagt tcgtgcgc-c -gcg-c--gc ca--g--ggc
{mycKA31} .....g-c -gcg-c--gc ca--g--agc
{mycGO31} .....c-g -cca-c--gt ta--g--ggc
{mycSZ31} .....c-g -ccg-g--gc cg--a--agc
{mycLE2Z} cattcgtaga ccattggtgcg gcgccggc-g -atg-c--at cg--a--ggt
Consensus -----C- G---G-AC-- --TG-TC---

101                                     150
{mycAV21} g--t---c- --g----g- -g--c--g-- g--g-ggc-g --c-ggccgc
{mycPT2Z} g--t---c- --g----g- -g--c--g-- g--g-ggc-g --c-ggccgc
{mycML2Z} g--c---c- --g----g- -a--c--a-- g--g-ggc-g --c-ggccgc
{mycSI2Z} c--t---c- --g----a- -g--c--g-- g--c-cac-g --c-gtccgc
{mycTB21} g--c---c- --g----g- -g--c--g-- c--g-cgc-g --c-ggccgt
{mycBO2Z} g--c---c- --g----g- -g--c--g-- c--g-cgc-g --c-ggccgt
{mycMA2Z} g--t---c- --g----a- -g--c--c-- g--g-ggc-g --c-gtccgc
{mycUL2Z} g--t---c- --g----a- -g--c--c-- g--g-ggc-g --c-gtccgc
{mycGA3Z} g--t---c- --g----g- -g--t--g-- g--g-cgc-g --c-ggcccc
{mycKA31} g--t---c- --g----g- -g--t--g-- g--g-cgc-g --c-ggcccc
{mycGO31} g--c---c- --g----g- -g--c--g-- g--g-ggc-a --t-ggccgc
{mycSZ31} g--c---c- --a----g- -g--g--g-- g--g-ggc-g --c-ggctgc
{mycLE2Z} g--c---t- --c----a- -g--c--g-- g--g-agt-c --t-actcgc

```

2044246-02440



Consensus -AG-TCGT-G GT-TTCCA-C C-AA-CC-AC -CC-A---T- AC-C-----

Figure 8- continued

151 200

{mycAV21}	cg--c-ga-g	g--a-ggg-g	g-a-a--t-	-c--c-gc--	---c--g--g
{mycPT2Z}	cg--c-ga-g	g--a-ggg-g	g-a-a--t-	-c--c-gc--	---c--g--g
{mycML2Z}	cg--c-gg-g	g--c-agg-g	g-a-a--t-	-c--c-gc--	---c--g--g
{mycSI2Z}	cg--c-ga-g	g--c-ggg-g	g-g--g--t-	-c--c-gc--	---c--g--g
{mycTB21}	gc--c-aa-g	a--c-gcg-c	g-a-g--t-	-c--c-gc--	---c--a--a
{mycBO2Z}	gc--c-aa-g	a--c-gcg-c	g-a-g--t-	-c--c-gc--	---c--a--a
{mycMA2Z}	cg--c-ga-g	a--c-gcg-g	g-a-g--c-	-g--c-gg--	---c--g--a
{mycUL2Z}	cg--c-ga-g	a--c-gcg-g	g-a-g--c-	-g--c-gg--	---c--g--a
{mycGA3Z}	cg--t-.g-g	g--c-gcg-g	g-a-g--t-	-g--c-gc--	---c--g--a
{mycKA31}	cg--t-gg-g	g--c-gcg-g	g-a-g--t-	-g--c-gc--	---c--g--a
{mycGO31}	cg--c-gg-g	a--c-gcg-g	g-g--g--t-	-c--c-ag--	---c--g--a
{mycSZ31}	cg--c-ga-g	a--c-gcg-g	g-a-g--t-	-g--c-gc--	---c--a--a
{mycLE2Z}	cg--c-aa-t	a--c-ggt-g	a-a-a--t-	-c--a-gt--	---t--g--a
Consensus	--GA-A--T-	-TC-A---T-	-C-AT-CT-T	T-GC-A--GT	GAT-GG-TC-

201 250

{mycAV21}	--t-cg--cg	---gg--c--	cg-gg-ggac	-gc-gc-cc-	.-cgaggtg-
{mycPT2Z}	--t-cg--cg	---gg--c--	cg-gg-ggac	-gc-gc-cc-	.-cgaggtg-
{mycML2Z}	--c-cg--gg	---gc--c--	cg-gg-agac	-gc-gc-cc-	.-cgacgtc-
{mycSI2Z}	--c-cg--gg	---gc--g--	cg-gg-ggac	-gt-gc-cc-	.-cgaggtg-
{mycTB21}	--c-cg--cg	---gc--c--	cg-gg-ggca	-gc-gg-tc-	.-cgacgtc-
{mycBO2Z}	--c-cg--cg	---gc--c--	cg-gg-ggca	-gc-gg-tc-	.-cgacgtc-
{mycMA2Z}	--c-cg--gg	---gc--c--	cg-ag-cgac	-gc-gt-cc-	.-cgaggtc-
{mycUL2Z}	--c-cg--gg	---gc--c--	cg-ag-cgac	-gc-gt-cc-	.-cgaggtc-
{mycGA3Z}	--c-cc--c.	---gc--a--	cg-gg-tgac	-gc-tg-ct-	.-ggaggtg-
{mycKA31}	--c-cg--cg	---ac--a--	cg-tg-tgac	-gt-gg-cc-	.-gaaggtg-
{mycGO31}	--c-cg--cg	---ac--g--	tg-cg-cgac	-gc-gc-cc-	.-cgacgtc-
{mycSZ31}	--c-cg--cg	---gc--c--	cg-gg-ggac	-ac-gg-cc-	.-agacgtc-
{mycLE2Z}	--t-ag--gg	---gc--c--	ca-ca-gaac	-gt-gt-gc-	t-ccgatat-
Consensus	TG-T--AC--	GCA--GC-AC	--C--T----	A--C--A--C	-G-----A

251 300

{mycAV21}	cgg-acag-c	c--g----ga	--g----c-	gg--cagg--	.....g----
{mycPT2Z}	cgg-acag-c	c--g----ga	--g----c-	gg--cagg--	.....g----
{mycML2Z}	cgg-gcac-c	c--g----gg	--c----c-	gg--tagc--	.....g----
{mycSI2Z}	ccg-gcac-c	c--g----ga	--g----c-	gg--cagc--	.....g----
{mycTB21}	ccg-cgat-c	t--t----gg	--c----c-	gg--caac--	.....g----
{mycBO2Z}	ccg-cgat-c	t--t----gg	--c----c-	gg--caac--	.....g----
{mycMA2Z}	ccg-cgat-c	c--g----aa	--c----g-	gg--cagc--	.....g----
{mycUL2Z}	ccg-cgat-c	c--g----aa	--c----g-	gg--cagc--	.....g----
{mycGA3Z}	ccg-tgaa-c	c--a----ag	--c----c-	gg--cagg--	.....g----
{mycKA31}	ccg-tgaa-c	c--g----aa	--c----c-	gg--cagc--	.....g----
{mycGO31}	cag-acac-c	c--g----gg	--c----g-	ga--cagg--	.....g----

207446-021402

```

{mycSZ31} ccg-ggcc-c a--a----aa --c-----c- gg--cagc-- .....g----
{mycLE2Z} acc-gcat-t c--g----aa --t-----t- ag--atag-- acgcat----
Consensus ---C----G- -GC-CCCA-- CT-ACCCA-G --TC----GT -----CGCA

```

Figure 8- continued

```

301
{mycAV21} -g--g-gg-- g--gggc.-g c-a.cgcgt- gccg-tggtc g-g-gcgcg-
{mycPT2Z} -g--g-gg-- g--gggc.-g c-a.cgcgt- gccg-tggtc g-g-gcgcg-
{mycML2Z} -a--g-gg-- g--cggca-g c-a.cgcgc- accc-tcgtc g-a-gggcc-
{mycSI2Z} -g--g-gg-- g--gggc.-g c-a.ttcgt- gccg-tcgtg g-a-gggcc-
{mycTB21} -a--g-gg-- g--cggc.-g c-a.agcgt- accc-tcgtc g-a-gggcc-
{mycBO2Z} -a--g-gg-- g--cggc.-g c-a.agcgt- accc-ccgtc g-a-gggcc-
{mycMA2Z} -a--a-ga-- g--ggga.-g c-a.ggaat- gccg-tcgtt g-a-gagcg-
{mycUL2Z} -a--a-ga-- g--ggga.-g c-a.ggaat- gccg-tcgtt g-a-gagcg-
{mycGA3Z} -a--g-gg-- g--cggc.-g c-a.cgcgt- accc-tcgtg g-a-gggcg-
{mycKA31} -a--g-gg-- g--cggc.-g c-a.cgcgt- accc-tcgtg g-a-.ggcg-
{mycGO31} -a--a-gg-- g--gggc.-g c-t.ctcgt- tccg-tggtg g-a-gagcc-
{mycSZ31} -g--g-gg-- a--gggc.-g c-a.cgcgt- actc-tagtg g-a-gggca-
{mycLE2Z} -a--g-tg-- g--actgg-c a-tgatact- atcc-taacc a-g-agtgg-
Consensus T-TA-C--TC -TC-----A- -G-----C ----G----- -G-T-----G

```

```

351
{mycAV21} cctccc-ctt g-tc--g--a --c-----t- -c--c--g-- g-agg-cgca
{mycPT2Z} cctccc-ctt g-tc--g--a --c-----t- -c--c--g-- g-agg-cgca
{mycML2Z} cctcgc-ctt g-cc--g--a --g-----t- -c--c--g-- g-acg-ctgg
{mycSI2Z} cctcgc-ctt g-tc--g--g --a-----t- -t--c--g-- g-acg-tgtg
{mycTB21} cctggc-ctt g-cc--g--g --g-----t- -g--c--g-- a-acg-gcga
{mycBO2Z} cctggc-ctt g-cc--g--g --g-----t- -g--c--g-- a-acg-gcga
{mycMA2Z} cttctc-ctt g-tt--g--a --g-----c- -a--c--g-- g-agg-gtga
{mycUL2Z} cttctc-ctt g-tt--g--a --g-----c- -a--c--a-- g-agg-gtga
{mycGA3Z} cttccc-ttt g-cc--g--a --c-----t- -g--c--g-- g-gag-gcga
{mycKA31} cctccc-ttt g-cc--g--g --c-----t- -g--c--g-- g-aag-gcga
{mycGO31} cctcgc-ttt g-tc--g--a --c-----t- -g--t--g-- g-agg-gtga
{mycSZ31} cctccc-ctt g-tc--g--g --g-----t- -a--c--g-- g-acg-ctga
{mycLE2Z} gtctga-tgg c-at--c--a --g-----t- -g--c--a-- g-act-gcgg
Consensus -----G--- -A--GG-AT- TG-GTGTG-T C-GG-AC-TA -A---T-----

```

```

401
{mycAV21} --c--g--gt cg--g--a-- ct-cg-g--c --a--c--a- ag--g--a--
{mycPT2Z} --c--g--gt cg--g--a-- ct-cg-g--c --a--c--a- ag--g--a--
{mycML2Z} --g--g--gt cg--g--a-- tt-gg-g--t --c--c--g- ag--g--g--
{mycSI2Z} --g--a--gt cg--g--g-- tt-gg-c--g --c--c--g- cg--g--c--
{mycTB21} --c--g--gc tt--a--a-- tc-gg-g--c --g--c--g- tg--g--g--
{mycBO2Z} --c--g--gc tt--a--a-- tc-gg-g--c --g--c--g- tg--g--g--
{mycMA2Z} --g--g--gt cg--a--g-- tc-cg-c--c --c--c--a- cg--g--g--

```

10074946 = 021402

```

{mycUL2Z} --g--g--gt cg--a--g-- tc-cg-c--c --c--c--a- cg--g--g--
{mycGA3Z} --g--a--gt cg--g--c-- tt-cg-g--t --c--c--g- ag--c--a--
{mycKA31} --g--a--gt cg--g--c-- tt-cg-g--t --c--g--a- aa--g--a--
{mycGO31} --a--a--tg tg--g--a-- tt-cg-t--t --c--a--g- aa--a--g--
{mycSZ31} --a--g--gt cg--g--c-- ct-tg-g--c --c--c--g- ca--g--g--
{mycLE2Z} --g--g--gc tc--c--a-- ct-ga-t--t --c--g--g- tg--g--g--
Consensus AA-CC-TG-- --TC-GC-AG --T--C-GC- GC-GC-GG-G --AT-CC-CG

```

Figure 8- continued

```

451
{mycAV21} g--gc---g --a--ca-a- gc-cg--atc ---gcagtg- a.-----a--
{mycPT2Z} g--gc---g --a--ca-a- gc-cg--atc ---gcagtg- a.-----a--
{mycML2Z} g--gc---g --a--ta-a- gc-cg--atc ---ggacag- a.-----a--
{mycSI2Z} a--ac---g --a--ca-g- gc-cg--atc ---gcacag- a.-----a--
{mycTB21} g--gc---g --c--ca-a- gt-cg--gtg ---gcaccg- a.-----a--
{mycBO2Z} g--gc---g --c--ca-a- gt-cg--gtg ---gcaccg- a.-----a--
{mycMA2Z} g--gc---g --a--ca-a- gc-ca--gtc ---.aacag- a.-----a--
{mycUL2Z} g--gc---g --a--ca-a- gc-ca--gtc ---.aacag- a.-----a--
{mycGA3Z} g--gc---g --a--ga-a- gc-cg--atc ---gaacag- a.-----a--
{mycKA31} g--gc---g --a--ga-a- gc-cg--atc ---gaacag- a.-----a--
{mycGO31} a--gc---g --c--aa-g- gg-tg--gtc ---gcccc- t.-----a--
{mycSZ31} a--gc---g --a--ta-a- gc-cg--atc ---gcaccg- a.-----a--
{mycLE2Z} g--gt---t --a--cg-a- tc-cg--gcc ---accaag- at-----g--
Consensus -TC--TGGT- AA-AG--C-A --C--TA--- CAT-----A --TTAGA-CG

```

```

501
{mycAV21} -----t--ct ct-cggggca agctgtcgtg atacggaccg tctcgcgcg
{mycPT2Z} -----t--ct ct-cggggca agctgtcgtg atacggaccg tctcgcgcg
{mycML2Z} -----t--cg gc-gtgggca agcgcgtcg cgcgcgagga tctcgactcg
{mycSI2Z} -----t--ct ct-tggagca agcggcccc gctacgtcga cccgcagacg
{mycTB21} -----c--ct gc-cggggca agcggcc... ..
{mycBO2Z} -----c--ct gc-cggggca agcggcc... ..
{mycMA2Z} -----t--ct cg-cggggca agcggcccc ggcgcaatcg gctcggcggg
{mycUL2Z} -----t--ct cg-cggggca agcggcccc ggcgcaatcg gcttggcggg
{mycGA3Z} -----t--ct cc-cggggca agcgggtcat ctgccga... tcggcagcgg
{mycKA31} -----t--ct ca-cggggca agcgggtcat ccgccgatcg tcggcagtg
{mycGO31} -----t--tt tt-gccg... ..ca
{mycSZ31} -----t--.. ct-cgat... ..ga
{mycLE2Z} -----c--ct gc-acggcca agcgggtcgtg ccgacgattt cggcgctcc...
Consensus TGTTC-AC-- --G-----

```

```

551
{mycAV21} ..... .cggtcgtct ccgaagccc cgggcaagcc aa-ggcgacg
{mycPT2Z} ..... .cggtcgtct gcgaagccc cgggcaagcc aa-ggcgacg

```

10074246 "021402

```

{mycML2Z} gaccacacaac actggtcggc gccggggcgc cgcacaggtc gg-cggcccg
{mycSI2Z} ggccgctgag ac.gatcgtc cctggtcgcg cctaggggcc gg-cgctccc
{mycTB21} ..... .gtccag tcgttaatgt cgcgagcgcc gg-cgctccg
{mycBO2Z} ..... .gtccag tcgttaatgt cgcgagcgcc gg-cgctccg
{mycMA2Z} atc...gac ggaggtgatg gcgctggtcg agcgggggca gg-cgcccgcg
{mycUL2Z} atc...gac ggaggtgatg gcgctggtcg agcgggggca gg-cgcccgcg
{mycGA3Z} ..... .tgccggg gccggtatcg cgggcggcaa gg-cgccacg
{mycKA31} ..... .tgacggg gccggtatca cggg.ggcaa gg-cgccacg
{mycGO31} ..... .gccgacc ccctgcggcg acgggcacta gt-gtcagag
{mycSZ31} ..... .gcaagcg gcccggtcg cgcacgagca gg-cggcccg
{mycLE2Z} ..... .atcggg ggtaggcgag ctgacacgca gg-cgtgccc
Consensus -----T-----

```

Figure 8- continued

```

601
{mycAV21} -caccggccg tcgcac-tg- -cta---g- gtgat--acc gtgtcgc...
{mycPT2Z} -caccggccg tcgcac-tg- -cta---g- gtgat--acc gtgtcgc...
{mycML2Z} -cacgggccc ccgaac-tg- -cta---g- gtgat--atc gcgtcgcaac
{mycSI2Z} -cgcacccgc tcgaac-tg- -cta---g- ttgat--gtc gcg.cgtaac
{mycTB21} -cagcggcac ccgaac-tg- -cta---g- ttgat--a.. .....
{mycBO2Z} -cagcggcac ccgaac-tg- -cta---g- ttgat--a.. .....
{mycMA2Z} -cgcgagcac ccgaac-tg- -cta---g- ttggt--a.. .....
{mycUL2Z} -cgcgagcac ccgaac-tg- -cta---g- ttggt--a.. .....
{mycGA3Z} -cgtgagtac ccggcc-tg- -cta---g- gtcac--a.. .....
{mycKA31} -cgcgagtac caggcc-tg- -cta---g- gtcac--a.. .....
{mycGO31} -tgcgtagc ttggtt-at- -aat---c- caggc--t.. .....
{mycSZ31} -cgcgaccag cagaac-tg- -cta---g- ttgat--a.. .....
{mycLE2Z} -cgcggtcgc cctaac-tg- -cta---t- atgat--aat gcgcccgaac
Consensus G-----G--C G---GCGT-G -----CG---

```

```

651
{mycAV21} ..... .tcgcgc agtgacgcgc ctgcaagcac
{mycPT2Z} ..... .tcgcgc agtgacgcgc ctgcaagcac
{mycML2Z} gcaagatctc gaaggtgtt tcaaaggcgc cgcg....c ctggaagtgc
{mycSI2Z} gcaaacgcgc gcacgccctg gcgtcaccga cgggcgagcc ctgcagacac
{mycTB21} ..... .atcgctcg ccgggagcac
{mycBO2Z} ..... .atcgctcg ccgggagcac
{mycMA2Z} ..... .atcgctcg cagggacca.
{mycUL2Z} ..... .atcgctcg cagggacca.
{mycGA3Z} ..... .at
{mycKA31} ..... .at
{mycGO31} ..... .ac
{mycSZ31} ..... .gt
{mycLE2Z} gtaagcgtg cca.atttg gcgtttatcc aacggtgcgc atgggagcac
Consensus -----

```

10074246-021402

	701		750
{mycAV21}	c-cgtcgcat	cgcaac....	.cgtggcgcc cgctcggcac taaaaggcag
{mycPT2Z}	c-cgtcgcat	cgcaac....	.cgtggcgcc cgctcggcac taaaaggcag
{mycML2Z}	a-cgtcgcg	cgcaaatg	cgctcg... ..tgagggtc ttgaaggcac
{mycSI2Z}	g-cgtcgcac	tgcagcagtg	acgtcgcgcc cgacgagggtc ttgaaggcac
{mycTB21}	a-cgtcgcac	tgcaccag..	.....
{mycBO2Z}	a-cgtcgcac	tgcaccag..	.....
{mycMA2Z}	a-cgtcgcaa	tgcagcagcg	gcgccgcgac ggccgc.....
{mycUL2Z}	a-cgtcgcaa	tgcagcagcg	gcgccgcgac ggccgc.....
{mycGA3Z}	t-tgtcgtag	ggagcaatcg	tcgcattgca gcaggcg.ta ggcacggcac
{mycKA31}	c-tgtcgtag	ggagcaatcg	tcgcattgca gcaggcg.ta ggcacggcac
{mycGO31}	c-cgtcgtag	cgaagcagag	gggccgtgac ggcaccg... ..
{mycSZ31}	c-c.....	gcaccggaaa	gcaaccg... ..
{mycLE2Z}	a-cgttcgac	tgcagcagtg	gcgccgtgac .....ggcac
Consensus	-G-----	-----	-----

Figure 8- continued

	751		782
{mycAV21}	tggaagcaac	a-----gcc	-----t -t
{mycPT2Z}	tggaagcaac	a-----gcc	-----t -.
{mycML2Z}	tggaagcaat	a-----gcc	-----t -.
{mycSI2Z}	tggaagcaac	a-----gcc	-----t -.
{mycTB21}	.....	t-----gcc	-----t -g
{mycBO2Z}	.....	t-----gcc	-----t -.
{mycMA2Z}	.gcaagtaac	a-----gcc	-----t -.
{mycUL2Z}	.gcaagtaac	a-----gcc	-----t -.
{mycGA3Z}	cggaggtaac	a-----gcc	-----t -.
{mycKA31}	tggaaggtaac	a-----gcc	-----t -.
{mycGO31}	.gaagcaa.c	a-----ctt	-----c -g
{mycSZ31}	.gaagtaatc	a-----gcc	-----t -g
{mycLE2Z}	tggaataaac	a-----gcc	-----t -.
Consensus	-----	-GGAGGA---	ATGACCTAC- C-

204720-0244001

**Figure 9.** Alignment of three Mycobacterial us-p34 sequences (M. tuberculosis, M. avium and M. intracellulare).

Parameters used for sequence alignment :  
gap creation penalty = 5 ; gap extension penalty = 1

```

1                                     60
{mycTB21} tcatagcagg cctcctcttg ggtccacaac gcccgcacg cctcgaggta ttcgcgcagc
{mycAV21} tcgtagctgg cttcctcgtc ggtccacagc gcccgcacg cttccaggta ttcgcgcagc
{mycIN4Z} .....
Consensus -----

61                                     120
{mycTB21} atggtgcggc ggcgtccggg tggcacacca tgatcgacga gctcgtcggg gttccagccg
{mycAV21} atggtgcggc gccggcccg cggcacgccg tggtcggcga gttcgtcggg gttccagccg
{mycIN4Z} .....
Consensus -----

121                                    180
{mycTB21} aacccgaccc cgacgtgac cgggccgtgc gacaaatgat ccagcgtcgc aatgcttttc
{mycAV21} aacccgacgc cgaggctgac cgggcccgcg gacagatggg caagggtggc aatacttttc
{mycIN4Z} .....
Consensus -----

181                                    240
{mycTB21} gccagcgtga tcggatcatg ctcgaccggc agcgccaccg cggtggcaag ccggatccgc
{mycAV21} gccagcgtga tcgggtcgtg ttcgaccggc agggccaccg cggtggacag ccgcaccgcg
{mycIN4Z} .....
Consensus -----

241                                    300
{mycTB21} gacgtcaccg ccgatgtgc tcccaggctc acccacgggt ccaacgtgcg catatagcgg
{mycAV21} gaggtgacgg cacaggccgc gccagactg acccacgggt ccagggtgcg catgtagcgg
{mycIN4Z} .....
Consensus -----

301                                    360
{mycTB21} tcgtccggca gcgaagcgtc acccgtcgtc ggatgggccc cctggcgctt gaccgggatg
{mycAV21} tcgtcgggca gcgacgcgtc gccgggtggtc ggtgcgcgcg cctcccgctt gatcgggata
{mycIN4Z} .....
Consensus -----

361                                    420
{mycTB21} tgggtgtgtt cgggcacgta aaacgtgcga aaccctggc tttcagcaag tctggcggcc
{mycAV21} tgcggtgtgtt ccggcacgta gaaggtcgca aaccctggg cgtcggcaag cttcgcggcc
{mycIN4Z} .....
Consensus -----

421                                    480
{mycTB21} gcggccgggg tgatgccgcy gtcgctgggt aacagcacaa gtccgtagt9 catgcaccga
{mycAV21} gcagccggag agatgccacg gtcgctgggt aaaagcacaa gcccgtaatc catgcagtga
{mycIN4Z} .....
Consensus -----

481                                    540
{mycTB21} attagaacgt ----c----g c--c-g---- --ggcc--cc agtc-ttaa- g-----
{mycAV21} attagaacgt ----t----c t--g-g---- -tgtc--ga tacg-accg c----cgcgc
{mycIN4Z} ..... t----g t--t-a---- -tccg--ga tacc-accg c----cggag
Consensus ----- GTTC-ACCT- -GC-G-GCAA GC----GT-- ----G----T -TCGC-----

```

```

{mycTB21} ..... .gagc-c-gg -c--tc--g- -g---cacc- -a-----
{mycAV21} ggtcgtctcc gaagcccgcg ggcaa-c-aa -g--ga--g- -c---ccgt- -c-----
{mycIN4Z} ggccgcccggg ggccctcgccg cccaa-a-ag -g--gg--c- -c---ttcc- -c-----
Consensus -----G-C-- T-GC--CG-C A-CGG----C G-ACGTGCGC

```

```

601
{mycTB21} -----t- ----- .aa-cg--tc g-c-gg---- -a-----
{mycAV21} -----g- -----accgt gtcgctcgcg cag-ga--cg c-t-ca---- -c-----
{mycIN4Z} -----g- -----accgc gtcgc.aatg cgg-ga--cg c-t-ca---- -a-----
Consensus TAGCGTGG-T GATCG----- ---T--CG-- -C-G--AGCA C-GCGTCGCA

```

```

661
{mycTB21} ct--ac-a-t .....
{mycAV21} tc--aa-c-t ggcgcccgt cggcactaaa aggcagtgga agcaaca---
{mycIN4Z} tc--ca-c-c ggcgcccgt cggcacttaa aggcactggt agcaaca---
Consensus --GC--C-G- -----GGA GGAGCCATGA

```

```

721
{mycTB21} -----g
{mycAV21} -----t
{mycIN4Z} -----
Consensus CCTACTC-

```

2024-04-20 09:44:02

**Figure 10.** Alignment of several pairs of Mycobacterial us-p34 sequences.

Parameters used for sequence alignment

gap creation penalty = 50 ; gap extension penalty = 3

**M. Tuberculosis x M. Xenopi**

Percent Similarity: 45.749 Percent Identity: 45.749

```

351 GACCGGGATGTGGGTGTGTTTCGGGCACGTAAAACGTGCGAAACCCGTGGC 400
      | | | | |
1 .....GTTACCCACC 11
401 TTTCAGCAAGTCTGGCGGCCGCGCCGGGTGATGCCGCGGTCTGCTGGTG 450
      | | | | | | | | | | | | | | | |
12 GCGAGCAAGCGGCGCCGGTAGAAGCTGCGATGACACGCCAGTCGCCGCGA 61
451 AACAGCACAAGTCCGTAGTGCATGCACCGAATTAGAACGTGTTCCACCTG 500
      | | | | | | | | | | | | | | | |
62 GACCCCCGCGCCAGGTGCGCTAGCGTGGATGGTCAATCGCGTCGCAAC 111
501 CGCCGGGCAAGCGCCGTCCAGTCGTTAATGTCGCGAGCGCCGGTCGCTC 550
      | | | | | | | | | | | | | | | |
112 GCCTGCCCTGAC..AAGTCACGGCGTTAATGGAGCGGTCCACGCAGCGTC 159
551 CGGCAGCGGCACCCGAACGTGCGCTAGCGTGGTTGATCGAATCGCGTCGC 600
      | | | | | | | | | | | | | | | |
160 GCGCGGAAGC.....GGCGCCCTGGGGATACAGCGTCGCAACAC 198
601 CGGGAGCACAGCGTCGCACTGCACCAAGTGGAGGAGCCATGACCTACTCG 649
      | | | | | | | | | | | | | | | |
199 AGTGGCGCCCCAACGGCACTGATGCACAGGAGAAGCCATGACGTACTCG 247

```

**M. Tuberculosis x M. Gordonae**

Percent Similarity: 69.795 Percent Identity: 69.795

```

51 TTCGCGCAGCATGGTGCGGCGGCGTCCGGGTGGCACACCATGATCGACGA 100
      | | | | | | | | | | | | | | | |
1 .....GTGCGACGACGGCCGGCCAGCACGTTATGGTCGGCGA 37
101 GCTCGTCGGTGTTCAGCCGAACCCGACCCCGACGCTGACCCGGCCGTGC 150
      | | | | | | | | | | | | | | | |
38 GCTCGTCGGTGTTCAGCCGAACCCGACCCGAGGCTAACTCGCCCGCCG 87
151 GACAAATGATCCAGCGTCGCAATGCTTTTCGCCAGCGTGATCGGATCATG 200
      | | | | | | | | | | | | | | | |
88 GACAGGTGATCCAGCGTGGCGATGCTTTTCGCCAAGGTGATCGGGTCATG 137

```



201 CTCGACCGGCAGCGCCACCGCGGTGGCAAGCCGGATCCGCGACGTCACCG 250  
 |||||  
 138 CTCGACCGGCAACGCGACTGCCGTCGACAGCCGCACCCGCGACGTCACAG 187

Figure 10-continued

251 CCGATGCTGCTCCCAGGCTCACCCACGGGTCCAACGTGCGCATATAGCGG 300  
 |||||  
 188 CACACGCCGCGCCAGGCTCACCCAGGGATCCAGGGTGCATATAACGG 237  
 301 TCGTCCGGCAGCGAAGCGTCAACCGTCGTCGGATGGGCCCTGGCGCTT 350  
 |||||  
 238 TCGTCCGGCAGCGTCTCGTCTCCGGTGGTGGGATGAGCCGCTCGCGTTT 287  
 351 GACCCGGATGTGGGTGTGTTTCGGGCACGTAAAACGTGCGAAACCCGTGGC 400  
 |||||  
 288 GATCGGGATATGCGTGTGTTTCGGGTACGTAGAAGGTGTGAAACCATGTG 337  
 401 TTTCAGCAAGTCTGGCGCCGCGGCCGGGTGATGCCGCGGTGCGTGGTG 450  
 |||||  
 338 TGTCGGCAAGTTTCGCTGCTGCCGCAGGGGAAATACCGCGATCGCTGGTG 387  
 451 AACAGCACAAGTCCGTAGTGCATGCACCGAATTAGAACGTGTTCCACCT. 499  
 |||||  
 388 AACAGAACGAGGCTGTAGTCCATGCCCAATTTAGAACGTGTTCTACTTT 437  
 500 ..GCGCCGGGCAAGCGGCCGTCCAGTCGTTAATGTCGCGAGCGCCGGTCG 547  
 |||||  
 438 TGGCCGCAGCCGACCCCTGCGGCGACGGGCACTAGTTGTCAGAGGTGCG 487  
 548 CTCCGGCAGCGGCACCCGAACGTGCGCTAGCGTGGTTGATCGAATCGCGT 597  
 |||||  
 488 CTAGCGTGGTTGATCGAATGCGTCGCAGGCCGTACCGCGTCGTGCCGAAG 537  
 598 CGCCGGGAGCACAGCGTCGCACTGCACCAAGTGGAGGAGCCATGACCTACT 647  
 |||||  
 538 CAGAGGGGCCGTGACGGCACCGGAAGCAACAGGAGGACTTATGACCTACC 587  
 648 CG 649  
 ||  
 588 CG 589

**M. Tuberculosis x M. Avium**

Percent Similarity: 77.504 Percent Identity: 77.504

1 TCATAGCAGGCCTCCTCTTGGGTCCACAACGCCCCGATCGCCTCGAGGTA 50  
 |||||  
 1 TCGTAGCTGGCTTCCTCGTCGGTCCACAGCGCCGCGATCGCTTCCAGGTA 50  
 51 TTCGCGCAGCATGGTGCGGCGGCGTCCGGGTGGCACACCATGATCGACGA 100  
 |||||  
 51 TTCGCGCAGCATGGTGCGGCGGCGCCGCGGCGACGCCGTGGTTCGGCGA 100

10074246-021492

```

101 GCTCGTCGGTGTTCAGCCGAACCCGACCCGACGCTGACCCGGCCGTGC 150
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
101 GTTCGTCGGTGTTCAGCCGAACCCGACGCCGAGGCTGACCCGGCCGCCG 150
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
151 GACAAATGATCCAGCGTCGCAATGCTTTTCGCCAGCGTGATCGGATCATG 200
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
151 GACAGATGGTCAAGGGTGGCAATACTTTTCGCCAGCGTGATCGGGTCGTG 200
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |

```

**Figure 10-continued**

201 CTCGACCGGCAGCGCCACCGCGGTGGCAAGCCGGATCCGCGACGTACCG 250  
 |||||  
 201 TTCGACCGGCAGGGCCACCGCGGTGGACAGCCGACCCGCGAGGTGACGG 250  
 251 CCGATGTGCTCCCAGGCTCACCCACGGGTCCAACGTGCGCATATAGCGG 300  
 |||||  
 251 CACAGGCCGCGCCCAGACTGACCCACGGGTCCAGGGTGCGCATGTAGCGG 300  
 301 TCGTCCGGCAGCGAAGCGTCAACCGTCGTCGGATGGGCGCCCTGGCGCTT 350  
 |||||  
 301 TCGTCCGGCAGCGACGCGTCGCCGGTGGTCCGGTGCGCGCCTCCCGCTT 350  
 351 GACCGGGATGTGGGTGTGTTCCGGGCACGTAAACCGTGCAGAACCCGTGGC 400  
 |||||  
 351 GATCGGGATATGCGTGTGTTCCGGCACGTAGAAGGTGCAGAACCCGTGGT 400  
 401 TTTCAGCAAGTCTGGCGGCCGCGGCCGGGGTGATGCCGCGGTGCTGGTG 450  
 |||||  
 401 CGTCCGCAAGCTTCGCGGCCGAGCCGGAGAGATGCCACGGTCGCTGGTG 450  
 451 AACAGCACAAAGTCCGTAGTGCATGCACCGAATTAGAACGTGTTCCACCTG 500  
 |||||  
 451 AAAAGCACAAAGCCGTAATCCATGCAGTGAATTAGAACGTGTTCTACCTC 500  
 501 CGCCGGGCAAGCGGCCGTCCAGTCGTTAATGTCGC..... 535  
 |||||  
 501 TCGGGGCAAGCTGTCTGTGATACGGACCGTCTCGCCGCGCGGTGCTCTCC 550  
 536 .....GAGCGCCGGTCGCTCCGGCAGCGGCACCCGAACGTGCGC 574  
 |||||  
 551 GAAGCCCGCGGGCAAGCCAATGGCGACGGCACCGCCGTGCGACGTGCGC 600  
 575 TAGCGTGGTTGATCG.....AATCGCGTCGCCGGGAGCA 608  
 |||||  
 601 TAGCGTGGGTGATCGACCGTGTGCTCGCGCAGTGACGCGCCTGCAAGCA 650  
 609 CAGCGTCGCACTGCACCAAGTGGAGGAGCCATGACCTACTCG..... 649  
 |||||  
 651 CCGCGTCGCGATCGCAACCGTGGCGCCCGCTCGGCACTAAAGGCAGTGGA 700

**M. Tuberculosis x M. Intracellulare**

Percent Similarity: 43.220    Percent Identity: 43.220

```

51 TTCGCGCAGCATGGTGC GGCGGCGTCCGGGTGGCACACCATGATCGACGA 100
      | | | | |
1  .....GTTCTACCTGTGCTGAGC 18

101 GCTCGTCGGTGTTCCAGCCGAACCCGACCCGACGCTGACCCGGCCGTGC 150
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
19 AAGCTCCGGTGATACCGACCGTCTCGCCGGAGGGCCGCCGGGGGCTCGC 68

151 GACAAATGATCCAGCGTCGCAATGCTTTTCGCCAGCGTGATCGGATCATG 200
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
69 CGCCCAAGACAGTGGCGGCGCCACCGGTTCCCGCACGTGCGC.TAGCGTG 117

```

Figure 10-continued

```

201 CTCGACCGGCAGCGCCACCGCGGTGGCAAGCCGGATCCGCGACGTACCG 250
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
118 GGTGATCGACCGCG...TCGCAATGCGGTGACGCGCCTGCAAGCACAGCG 164

251 CCGATGCTGCTCCCAGGCTCACCCACGGGTCCAACGTGCGCATATAGCGG 300
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
165 TCGCATCGCCACCGCGGCGCCCGCTCGGCACTTAAAGGCACTGGTAGCAA 214

301 TCGTCCGGCAGCGAAGCGTCACCCGTCGTCGGATGGGCCGCTGGCGCTT 350
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
215 CAGGAGGAGCCATGACCTACTC..... 236

```

**M. Tuberculosis x M. Simiae**

Percent Similarity: 75.655 Percent Identity: 75.655

```

1 TCATAGCAGGCCTCCTCTTGGGTCCACAACGCCCGCATCGCCTCGAGGTA 50
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
1 TCGTATTGGGCTTCTTCTGCGTCCACAGCGCCCGCATGGCTTCCAGGTA 50

51 TTCGCGCAGCATGGTGC GGCGGCGTCCGGGTGGCACACCATGATCGACGA 100
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
51 CTCGCGCAGCATGGTCCGCCGGCGCGCCGGCGGCACGTTGTGGTCCGCCA 100

101 GCTCGTCGGTGTTCCAGCCGAACCCGACCCGACGCTGACCCGGCCGTGC 150
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
101 GTTCGTCGGTGTTCCAACCGAACCCGACGCCCACTGACCCGTCCGCCG 150

151 GACAAATGATCCAGCGTCGCAATGCTTTTCGCCAGCGTGATCGGATCATG 200
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
151 GACAGATGGTCCAGGGTGGCGATGCTTTTCGCCAGCGTGATCGGGTCGTG 200

201 CTCGACCGGCAGCGCCACCGCGGTGGCAAGCCGGATCCGCGACGTACCG 250
      | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
201 CTCGACGGGCAGCGCGACCGCGGTGGACAGTCGCACCCGCGAGGTGACCG 250

251 CCGATGCTGCTCCCAGGCTCACCCACGGGTCCAACGTGCGCATATAGCGG 300

```

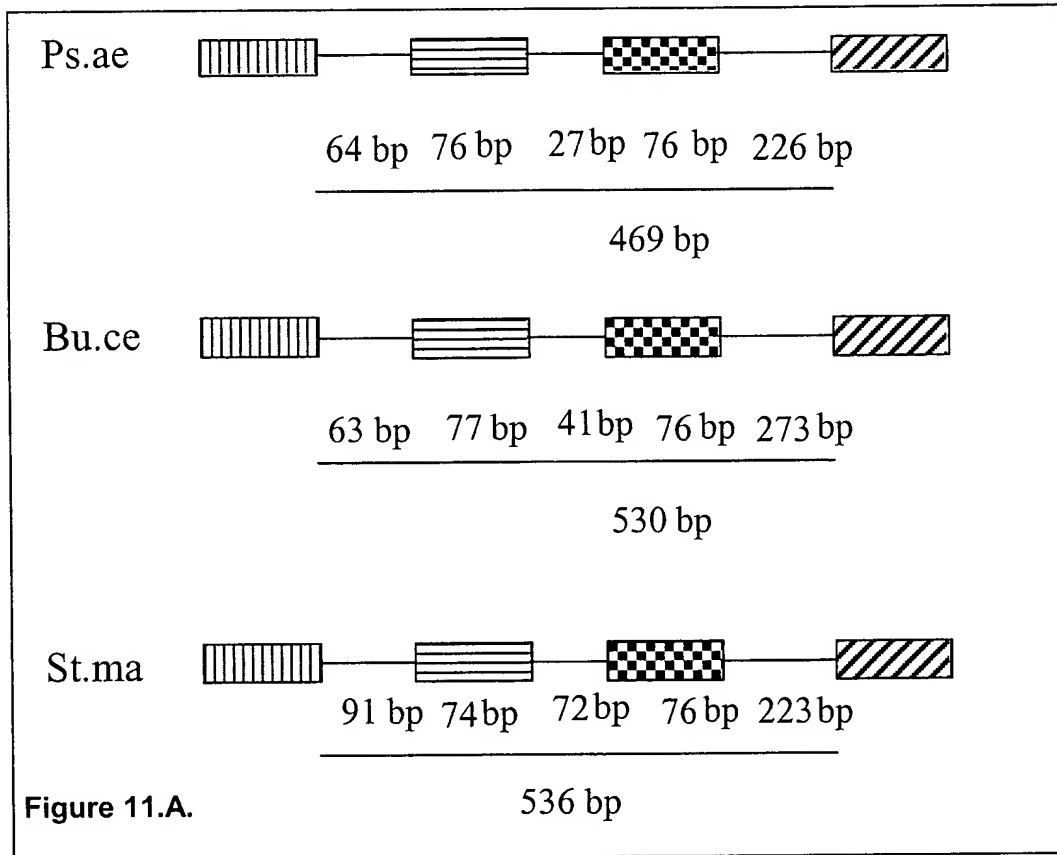
**Figure 10-continued**


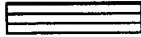


```

501 CGCCGGGCAAGCGGCCGTCCAGTCGTTAATGTCGCGA..... 537
    | | ||||| | | | | | | | | | | | | | | | | | |
501 TGTGGAGCAAGCGGCCCCCGCTACGTCGACCCGAGACGGGCGGCTGAGA 550
    .
538 .....GCGCCGGTCGCTCCGGCAGCGGCACCC 564
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
551 CGATCGCTCCTGGTCGCGCCTAGGGGCGCGGTCGCTCCCGCGCACCCGCTC 600
    .
565 GAACGTGCGCTAGCGTGTTGATCGAATCGCGTCGCCGGGAGCACAGCGT 614
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
601 GAACGTGCGCTAGCGTGTTGATCGGTGCGCGCTAACGCAAACGCGGGCA 650
    .
615 CGCACTG...CACCAGTGAGGAGCCATGACCTACTCG..... 649
    | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
651 CGCCCTGGCGTCACCGACGGGCGAGCCCTGCAGACACGGCGTCGCACTGC 700

```

**Figure 11A.** Organisation of the *rrn* operon of *Pseudomonas aeruginosa* (Ps. Ae), *Burkholderia cepacia* (Bu. ce) and *Stenotrophomonas maltophilia* (St. ma).



-  = RNA 16S (3' end)
-  = tRNA Isoleucine
-  = tRNA Alanine
-  = tRNA 23S (5' end)

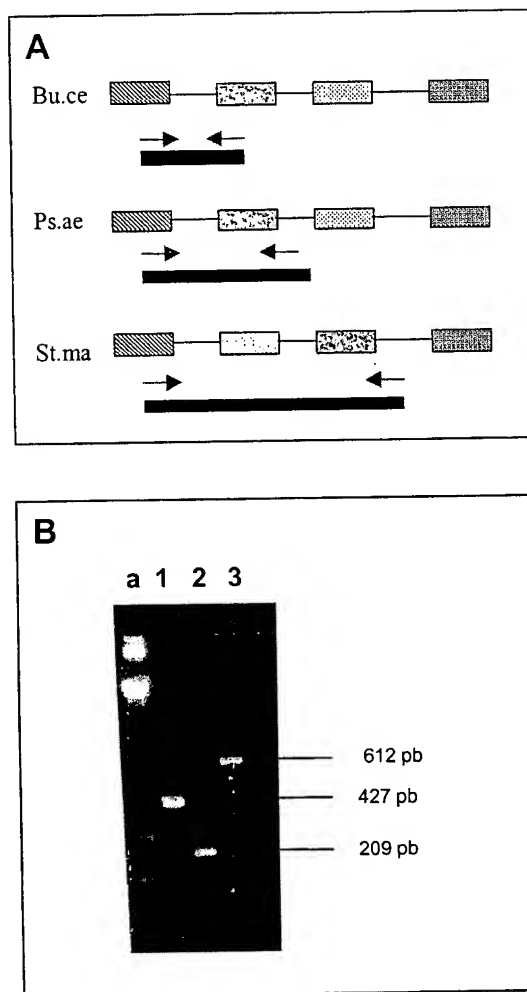
16S

**tRNA**

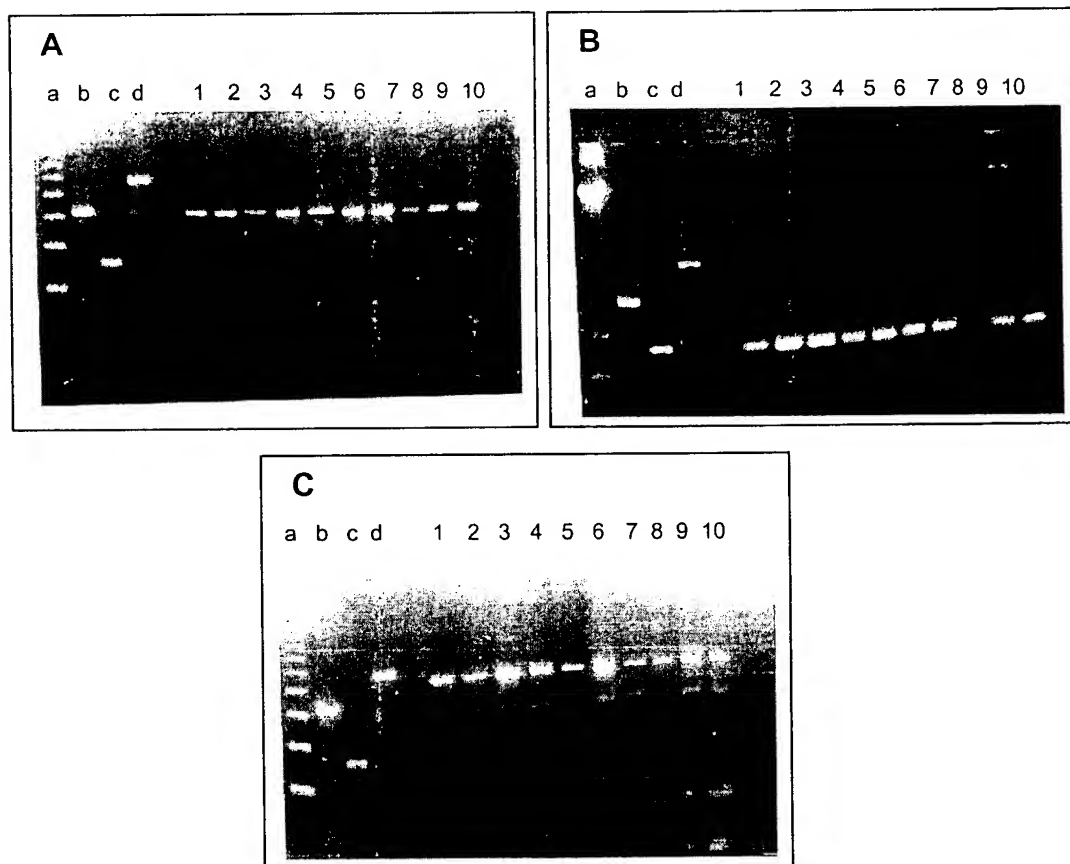
tRNA-  
ala

235

**Figure 12.** Discrimination by multiplex PCR.



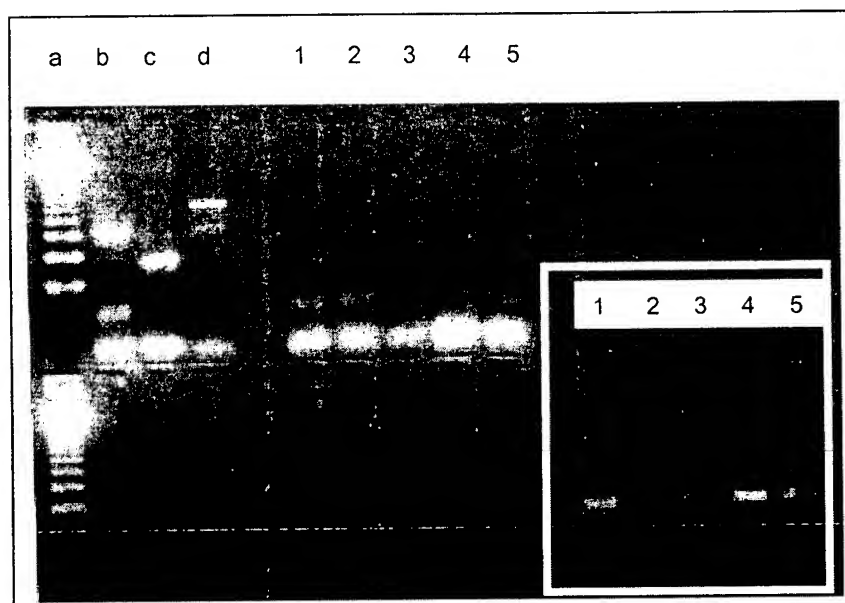
**Figure 13.** Multiplex PCR sensibility validation



2014-09-24 10:21:40

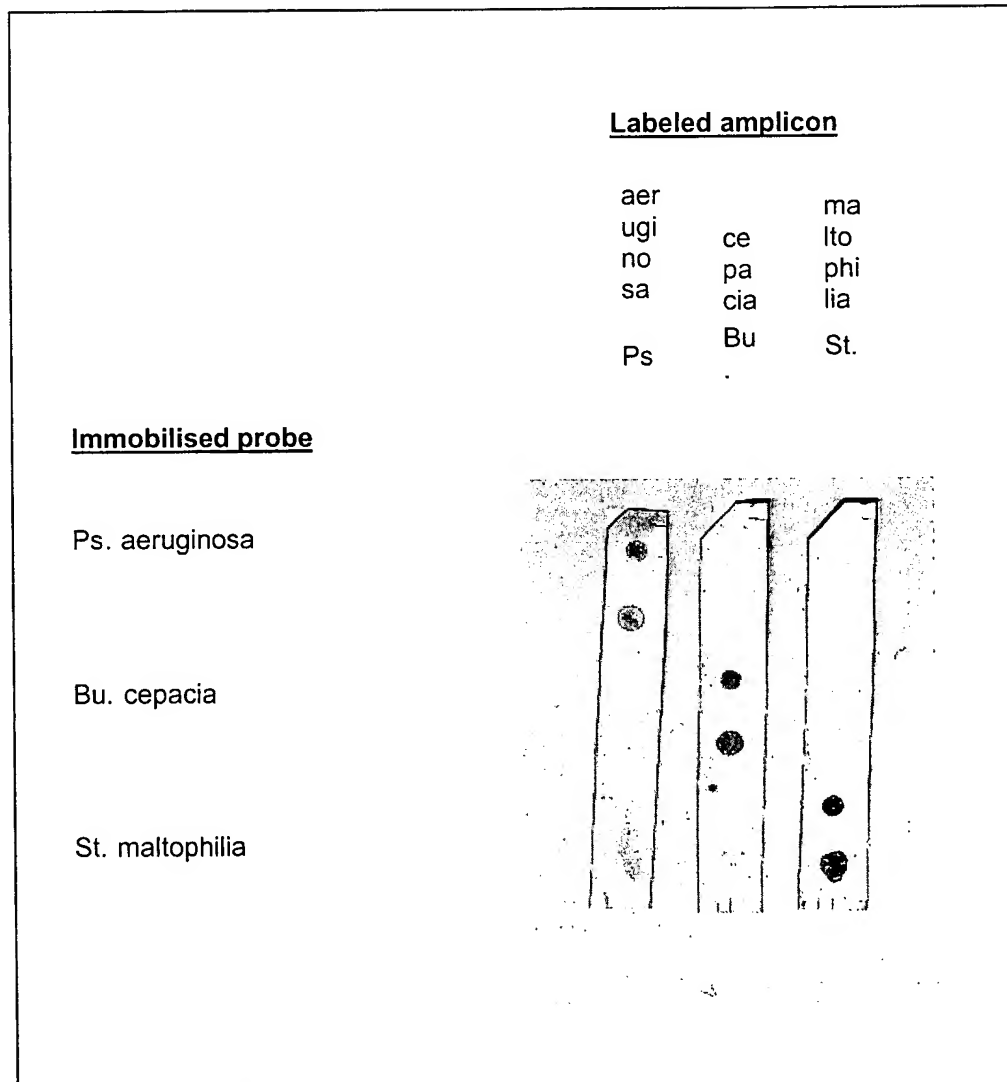


Figure 14. Multiplex PCR specificity validation

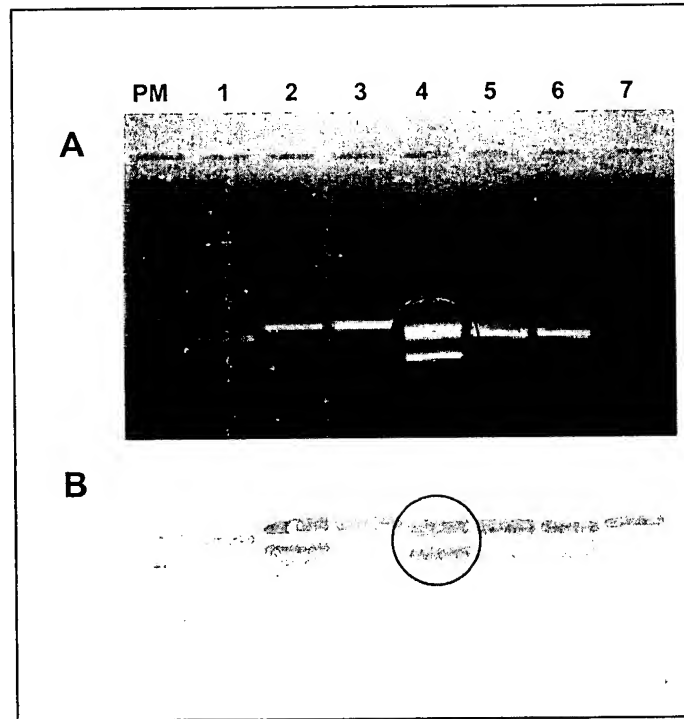


100744245-021402

**Figure 15.** Reverse hybridisation for the discrimination between *Ps. aeruginosa*, *Bu. cepacia* and *St. maltophilia*



**Figure 16.** Visualization of the second *rrn* operon from *Ps. putida*



10074246-021402

**Figure 17.** Alignment of the two *rrn* operon sequences from *Ps. putida*. First (top) sequence is SEQ ID NO 78, second (bottom) sequence is SEQ ID NO 79.

```

5  GGGTTCCCCGAAGTAGCTAGTCTAACCTTCGGGAGGACGGTTACCACGGT 54
1  GGTTCACCAGAAGTAGCTAGTCTAACCTTCGGGAGGACGGTTACCACGGT 50
55  GTGATTTCATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTAGGGGAACCT 104
51  GTGATTTCATGACTGGGGTGAAGTCGTAACAAGGTAGCCGTAGGGGAACCT 100
105  GCGGCTGGATCACCTCCTTAATCGACGACATCAGCCTGCTGATGAGCTCC 154
101  GCGGCTGGATCACCTCCTTAATCGACGACATCAGCCTGCTGATGAGCTCC 150
155  CACACGAATTGCTTGATTCTTGTGAAGACGATCAAGACCCCTATATCG 204
151  CACACGAATTGCTTGATTCTTGTAAAAGACGATCAAGGCCTTGTGCAGG 200
205  TCTGTAGCTCAGTTGGTTAGAGCGCACCCCTGATAAGGGTGAGGTCCGCA 254
255  GTTCAAATCTGCCCAGACCTACCAATATGCGGGGCCATAGCTCAGCTGGG 304
305  AGAGCGCCTGCCTTGACGACGAGGAGGTGAGCGGTCGATCCCGCTTGGCT 354
355  CCACCACTCGCTTTACTTGATCAGAACTTAGAAATGAACATTCGTTGATG 404
201  CCTCGCGTTGTTCTGATCAGAACTTGGAATGAGCATTGCTTCG 246
405  AATGTTGATTTCTGACTTTTGTGATCGTTCTTTAAAAATTTCGGATATG 454
247  AATGTTGATTTCTGGCTTTTGTGATCGTTCTTTAAAAATTTCGGATATG 296
455  TGATAGAAATAGACTGAACACCAGTTTCACTGCTGGTGGATCAGGCTAAG 504
297  TGATAGAAATAGACTGAACACCAGTTTCACTGCTGGTGGATCAGGCTAAG 346
505  GTAAAATTTGTGAGTTCTGCTCGAAAGAGCAACGTGCGAATTTTCGGCGA 554
347  GTAAAATTTGTGAGTTCTGCTCGAAAGAGCAACGTGCGAATTTTCGGCGA 396
555  ATGTCGTCTTCACAGTATAACCAGATTGCTTGGGGTTATATGGTCAAGTG 604
397  ATGTCGTCTTCACAGTATAACCAGATTGCTTGGGGTTATATGGTCAAGTG 446

```

20420 - 9424001

**Figure 18.** Alignment and consensus sequence between *Pseudomonas aeruginosa* (ps.msf{padfc}), *Burkholderia cepacia* (ps.msf{pcdfg}) and *Stenotrophomonas maltophilia* (ps.msf{xmdfa}).

5		1	60
	ps.msf{padfc}	----- gg---gct-- -----ta-c- --tc-----g caa--g--a-	
	ps.msf{pcdfg}	----- gg---tta-- -----tg-c- --tc-----g caa--a--a-	
	ps.msf{xmdfa}	----- tt---gca-- -----ca-g- --ct-----t tcg--a--g-	
10	Consensus	<u>GCCCGTCACA CCATGGGAGT</u> --GTT--CC AGAAG--G-T AG--TAACC- ---GG-GG-C	
		61	120
	ps.msf{padfc}	-g-tac---- -agtgattc- -----	---gg----c
	ps.msf{pcdfg}	-g-cac---- -taggattc- -----	---tc---g
15	ps.msf{xmdfa}	-c-t.g---- -t.gctgcg- -----	---tc---g
	Consensus	G-T--CACG G-----A TGAAGTGGGT GAAGTCGTAA CAAGGTAGCC GTA--GGAA-	
		121	180
	ps.msf{padfc}	c----- -aatc...a gatct-ag-t t-ttcataa- -tccca-a-g	
20	ps.msf{pcdfg}	g----- -tcca...g cttct-.g. a-aagttga- -gctca-g-t	
	ps.msf{xmdfa}	g----- -ttga-ca-a gacag-at-g t-ctgtcgg- -gtctt-a-a	
	Consensus	-TGCGGCTGG ATCACCTCCT T----G--A- -----C--C- -C-----G C-----C-C-	
		181	240
25	ps.msf{padfc}	a-t.tg--tg -ttcactggt t..ag--gat tg--t-tg-a gctc---tggt --aga-cg-a	
	ps.msf{pcdfg}	t-tcgg-- <u>gt</u> <u>-aattaaaga</u> <u>c..ag--tca</u> <u>gg</u> --t-tg-a gctc---cgg --aga-ca-c	
	ps.msf{xmdfa}	a-gtac--gc -ttcagagaa tcaca--ggc ca--c-ga-g tgag--ccc --ttg-gc-t	
	Consensus	-A---CT-- A----- ----AC-- --GG-C--T- ----AGT--- TT--G--C-	
30		241	300
	ps.msf{padfc}	cccc-g-taa --.t-a-gt- ggcag--cg- -t-tgcccag ac-caccaat ...t-ttg-t	
	ps.msf{pcdfg}	gtct-g-taa --cg-g-gt- gttgg--cg- -t-caaccag ac-caccatt gtct-gcg-t	
	ps.msf{xmdfa}	tagc-c-gct --ga-a-ca- ctgct--gc- -g-aggggtc gt-ggttcga tccc-aca-	
	Consensus	----T-A--- GG--G-G--C -----TT--A A-C----- --C----- ----G---G-	
35		301	360
	ps.msf{padfc}	gtgctg-g-- atccga.... -...g-g c-a-ag-tc- -ct-gga-ag -gc-tgct-t	
	ps.msf{pcdfg}	aacaca-c-- aggcaaatct g---atgg-g g-a-ag-tc- -ct-gga-ag -ac-tgct-t	
	ps.msf{xmdfa}	ctccac-a-- ttcgagctgt a--cgaa-t c-c-tt-ga- .a-ccc-ca -at-catg-g	
40	Consensus	-----C-TG ----- -TAC---G- -C-T--C--A G--G--G-- C--C---T-	
		361	420
	ps.msf{padfc}	gc-cgcagga ggtcaggag- ---atc-tcc t-gg---cac c.a- <u>ctaaaa</u> <u>....aa....</u>	
45	ps.msf{pcdfg}	gc-agcagg. ggtcgtcgg- ---atc-cgt c-gc---cac caa-caccaa -gctaagggc	
	ps.msf{xmdfa}	ct-ctttttg aaaaagcct- --ggt-tg. .-ag--agg tgg-tagacg -accctgata	
	Consensus	--A----- -----T TCG---C--- -T--CTC--- --T----- C-----	
		421	480
	ps.msf{padfc}	<u>tc-tcgaaag</u> -tcagaaat- -atg-.tcgt g-atgaac-- -ga...tttc t-gtctttg-	
50	ps.msf{pcdfg}	tt-gttcaga -actgaacc- -gaa..tttg c-ttggcg-- -gagccagtc a-aggatat-	
	ps.msf{xmdfa}	ag-gtgaggt -ggtagttc- -gtc-accga g-cccacc-- .-ctctgaa t-acgcata-	
	Consensus	--G----- C-----G A--T----- -A-----AT T----- -G-----C	
		481	540
55	ps.msf{padfc}	-cca--.... .ac...gtt -t-t-aa-a- tc--....g tat--.... .g-t-...-a	
	ps.msf{pcdfg}	-aca--tatc ggc-gtcggt -t-t-ac-a- ct--aagaag taa--aattt gg-t-gcg-a	
	ps.msf{xmdfa}	-ttc--tct. ...-tatacg -a-c-gc-c- gt--ctggta cgt--tcttt ta-a-ctt-t	
	Consensus	A---GA---- ---T----- C-T-A--A-T --GG----- --GT----- --A-A---G-	

100446-044601

Figure 18 -continued

```

5      541                                     600
ps.msf{padfc} ag.....ta- -actga.atg ..at--c-tt cactg--ga- cat.tca-gt caaggt-aa.
ps.msf{pcdfg} agcgtcttg- -atggacgtg gaaa--a-cc gggtt--ga- tgtatcg-tg tatctc-ag.
ps.msf{xmdfa} gacgtagcg- -cgtttgaga tgtt--a-ca gacgt--cg- gaggcta-gg cgagag-cgc
Consensus -----A G----- ----CT-T-- ----GT--T ----A-- ----A--

10

15      601                                     660
ps.msf{padfc} -t.ttg-.ga gt-c.aa-cg cg....a--- ....t-.-. -gaatg.tc gtcttcacag
ps.msf{pcdfg} -tgatt-.ga ac-ctaa-tt tgactca--- ggaa-a.-. -acaacgcga gaactcaacc
ps.msf{xmdfa} -agtct-ttt at-gatt-ag tcgttat--- cgta-c-g-- -tttgtaccc ccgggtcgtg
Consensus A-----C--- --T---G-- -----ATT ----T-C-GG C-----

20      661                                     720
ps.msf{padfc} -a---c.. -attgct-gg g-----t-- -----t---g ---c---tac -----
ps.msf{pcdfg} -g---g.. -acagac-. c-----g-- -----c---c ---t---tgt -----
ps.msf{xmdfa} -g---cca- -gcaact-gc g-----t-- -----c---t ---c---cac -----
Consensus T-TAAC---A G-----T-- -GTTATA-GG TCAAG-GAA- AAG-GCA--- GGTGGATGCC

25

30      721                                     737
ps.msf{padfc} -----
ps.msf{pcdfg} -----
ps.msf{xmdfa} -----
Consensus TTGGCRRTCA SAGGCGA

```

204720-0440

**Figure 19.** Aligement between *Pseudomonas aeruginosa* (ps.msf{padfc}) (SEQ ID NO 80), *Burkholderia cepacia* (ps.msf{pcdfg}) (SEQ ID NO 81) and *Stenotrophomonas maltophilia* (ps.msf{xmdfa}) (SEQ ID NO 82), as in Figure 18 but without consensus sequence.

```

5      Symbol comparison table: GenRunData:pileupdna.cmp  CompCheck: 6876

          GapWeight: 1
        GapLengthWeight: 1

10      ps.msf  MSF: 737  Type: N
        Name: padfc          Len:   737  Check: 1233  Weight:  1.00
        Name: pcdfg          Len:   737  Check:  773  Weight:  1.00
        Name: xmdfa          Len:   737  Check: 3019  Weight:  1.00

15      //

        1                                     50
        padfc  GCCCGTCACA  CCATGGGAGT  GGGTTGCTCC  AGAAGTAGCT  AGTCTAACCG
        pcdfg  GCCCGTCACA  CCATGGGAGT  GGGTTTTTACC  AGAAGTGGCT  AGTCTAACCG
20      xmdfa  GCCCGTCACA  CCATGGGAGT  TTGTTGCACC  AGAAGCAGGT  AGCTTAACCT

        51                                     100
        padfc  CAAGGGGGAC  GGTTACCACG  GAGTGATTCA  TGACTGGGGT  GAAGTCGTAA
        pcdfg  CAAGGAGGAC  GGTCACCACG  GTAGGATTCA  TGACTGGGGT  GAAGTCGTAA
25      xmdfa  TCGGGAGGGC  GCTT.GCACG  GT.GCTGCGA  TGACTGGGGT  GAAGTCGTAA

        101                                    150
        padfc  CAAGGTAGCC  GTAGGGGAAC  CTGCGGCTGG  ATCACCTCCT  TAATCG..AA
        pcdfg  CAAGGTAGCC  GTATCGGAAG  GTGCGGCTGG  ATCACCTCCT  TTCCAG..AG
30      xmdfa  CAAGGTAGCC  GTATCGGAAG  GTGCGGCTGG  ATCACCTCCT  TTTGAGCAAA

        151                                    200
        padfc  GATCTCAGCT  TCTTCATAAG  CTCCCACACG  AAT.TGCTTG  ATTCACTGGT
        pcdfg  CTTCTC.GC.  ACAAGTTGAG  CGCTCACGCT  TATCGGCTGT  AAATTAAGA
35      xmdfa  GACAGCATCG  TCCTGTCTGG  CGTCTTCACA  AAGTACCTGC  ATTCAGAGAA

        201                                    250
        padfc  T..AGACGAT  TGGGTCTGTA  GCTCAGTTGG  TTAGAGCGCA  CCCCTGATAA
        pcdfg  C..AGACTCA  GGGGTCTGTA  GCTCAGTCGG  TTAGAGCACC  GTCTTGATAA
40      xmdfa  TCACAACGGC  CAGGCCGATG  TGAGAGTCCC  TTTTGGGCCT  TAGCTCAGCT

        251                                    300
        padfc  GG.TGAGGTC  GGCAGTTCGA  ATCTGCCCAG  ACCCACCAAT  ...TGTTGGT
        pcdfg  GGCAGGGGTC  GTTGGTTCGA  ATCCAACCAG  ACCCACCATT  GTCTGGCGGT
45      xmdfa  GGGAGAGCAC  CTGCTTTGCA  AGCAGGGGTC  GTCGGTTCGA  TCCCACAG.

        301                                    350
        padfc  GTGCTGCGTG  ATCCGA....  .TAC...GGG  CCATAGCTCA  GCTGGGAGAG
        pcdfg  AACACACCTG  AGGCAAATCT  GTACATGGGG  GCATAGCTCA  GCTGGGAGAG
50      xmdfa  CTCCACCATG  TTCGAGCTGT  ATACCGAAGT  CCCTTTCGAA  G.AGCCCGCA

        351                                    400
        padfc  CGCTGCTTTT  GCACGCAGGA  GGTGAGGAGT  TCGATCCTCC  TTGGCTCCAC
        pcdfg  CACCTGCTTT  GCAAGCAGG.  GGTGCTCGGT  TCGATCCCGT  CTGCCTCCAC
55      xmdfa  CATCCATGTG  CTACTTTTTT  AAAAAGCCTT  TCGGGTCTG.  .TAGCTCAGG

```

10074246-021403

401 450  
padfc C.ATCTAAAA C...AA.... TCGTCGAAAG CTCAGAAATG AATGT.TCGT  
pcdfg CAATCACCAA CGCTAAGGGC TTGGTTCAGA CACTGAACCG AGAAT.TTTG  
xmdfa TGGTTAGACG CACCCTGATA AGGGTGAGGT CGGTAGTTCTG AGTCTACCCA

5

451 500  
padfc GAATGAACAT TGA...TTTC TGGTCTTTGC ACCAGA.... .ACT...GTT  
pcdfg CATTGGCGAT TGAGCCAGTC AGAGGATATC AACAGATATC GGCTGTCTGTT  
xmdfa GACCCACCAT T..CTCTGAA TGACGCATAC ATTCGATCT. ...TTATACG

10

501 550  
padfc CTTTAAAAAT TCGG.....G TATGT..... .GATA...GA AG.....TAA  
pcdfg CTTTAACAAT CTGGAAGAAG TAAGTAATTT GGATAGCGGA AGCGTCTTGA  
xmdfa CATCAGCACT GTGGCTGGTA CGTGTTCTTT TAAAACTTGT GACGTAGCGA

15

551 600  
padfc GACTGA.ATG ..ATCTCTTT CACTGGTGAT CAT.TCAAGT CAAGGTAAA.  
pcdfg GATGGACGTG GAAACTATCC GGGTTGTGAT TGTATCGATG TATCTCAAG.  
xmdfa GCGTTTGAGA TGTTCATATCA GACGTGTCGT GAGGCTAAGG CGAGAGACGC

20

601 650  
padfc AT.TTGC.GA GTTC.AAGCG CG....AATT ....TTC.GG C.GAATG.TC  
pcdfg ATGATTC.GA ACTCTAAGTT TGA CTCAATT GGAATAC.GG CACAACGCGA  
xmdfa AAGTCTCTTT ATTGATTGAG TCGTTATATT CGTATCCGGG CTTTGTACCC

25

651 700  
padfc GTCTTCACAG TATAACC..A GATTGCTTGG GGTATATATGG TCAAGTGAAG  
pcdfg GAACTCAACC TGTAACG..A GACAGACT.. CGTTATAGGG TCAAGCGAAC  
xmdfa CCGGGTCGTG TGTAACCCAA GGCAACTTGC GGTATATATGG TCAAGCGAAT

30

701 737  
padfc AAGCGCATAC GGTGGATGCC TTGGCRRTCA SAGGCGA  
pcdfg AAGTGCATGT GGTGGATGCC TTGGCRRTCA SAGGCGA  
xmdfa AAGCGCACAC GGTGGATGCC TTGGCRRTCA SAGGCGA

35

10074246-021402